

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
2 mai 2002 (02.05.2002)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 02/34903 A2

(51) Classification internationale des brevets⁷ :
C12N 15/00, C07K 14/705

(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR01/03219

(22) Date de dépôt international :
17 octobre 2001 (17.10.2001)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
00/13649 24 octobre 2000 (24.10.2000) FR
60/253,141 28 novembre 2000 (28.11.2000) US

(71) Déposants (pour tous les États désignés sauf US) : AVEN-
TIS PHARMA S.A. [FR/FR]; 20 avenue Raymond Aron,
F-92160 Antony (FR). INSERM [FR/FR]; 101 rue de Tol-
biac, F-75654 Paris Cedex 13 (FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : DENEFLÉ,
Patrice [FR/FR]; 45 avenue des Fusillés de Chateaubriand,
F-94100 Saint Maur (FR). ROSIER, Marie-Françoise
[FR/FR]; 21 rue des Baconnets, F-92160 Antony (FR).

PRADES, Catherine [FR/FR]; 30 avenue du Général De
Gaulle, F-94320 Thiais (FR). ARNOULD-REGUIGNE,
Isabelle [FR/FR]; 112 rue de Bry, F-94430 Chennevières
Sur Marne (FR). OSORIO Y FORTEA, José [FR/FR];
17 allée Boissy d'Anglas*, F-91000 Evry (FR). DU-
VERGER, Nicolas [FR/FR]; 4 rue Rollin, F-75005
Paris (FR). CHIMINI, Giovanna [FR/FR]; 86 Corniche
Kennedy, F-13007 Marseille (FR).

(74) Mandataire : LECCA, Patricia; Aventis Pharma S.A.,
Direction brevets, 20 avenue Raymond Aron, F-92165
Antony Cedex (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,
MZ, NO, NZ, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK,
SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA,
ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

[Suite sur la page suivante]

(54) Title: NUCLEIC ACID GENERATING THE ABCA7 GENE, MOLECULES MODULATING ITS ACTIVITY AND THER-
APEUTIC APPLICATIONS

(54) Titre : ACIDE NUCLEIQUE REGULATEUR DU GENE ABCA7, MOLECULES MODULANT SON ACTIVITE ET AP-
PLICATIONS THERAPEUTIQUES

(57) Abstract: The invention concerns a nucleic acid capable of regulating the ABCA7 gene transcription, which codes for a carrier protein capable of intervening in the metabolism of lipids and/or in the process involving the immune system and inflammation. In addition, owing to the position of the gene on the chromosome 19 in q 13, ABCA7 is potentially involved in other pathologies genetically related to said locus. The invention also concerns nucleotide constructs comprising a polynucleotide coding for a polypeptide or a nucleic acid of interest, placed under the control of a nucleic acid regulating the ABCA7 gene. The invention further concerns recombinant vectors, transformed host cells and non-human transgenic mammals comprising a nucleic acid regulating the ABCA7 gene transcription and or said nucleotide construct, and methods for screening molecules or substances capable of modulating the activity of the nucleic acid regulating the ABCA7 gene.

(57) Abrégé : La présente invention concerne un acide nucléique capable de réguler la transcription de gène ABCA7, qui code pour une protéine transporteur susceptible de jouer un rôle dans le métabolisme des lipides et/ou dans les processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation. Par ailleurs, de par la position du gène sur le chromosome 19 en q13, ABCA7 est potentiellement impliqué dans d'autres pathologies liées génétiquement à ce locus. La présente invention est également relative à des constructions nucléotidiques comprenant un polynucléotide codant pour un polypeptide ou un acide nucléique d'intérêt, placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur du gène ABCA7. L'invention a également trait à des vecteurs recombinants, des cellules hôtes transformées et des mammifères transgéniques non humains comprenant un acide nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7 ou une construction nucléotidique précitée, ainsi que des procédés pour le criblage de molécules ou de substances capables de moduler l'activité de l'acide nucléique régulateur de gène ABCA7.

WO 02/34903 A2



Publiée :

— *sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport*

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

**ACIDE NUCLEIQUE REGULATEUR DU GENE ABCA7. MOLECULES MODULANT
SON ACTIVITE ET APPLICATIONS THERAPEUTIQUES**

La présente invention concerne un acide nucléique capable de réguler la
5 transcription du gène ABCA7, qui est un gène susceptible d'intervenir dans le
métabolisme des lipides au niveau des tissus hématopoïétiques, ainsi que dans les
mécanismes de signalisation cellulaire liés à la réaction immunitaire et à l'inflammation.

La présente invention décrit aussi des polypeptides et des polynucléotides
dont une altération de la séquence ou de l'expression est potentiellement impliquée
10 dans des maladies associées au locus génétique q13 du chromosome 19.

La présente invention est également relative à des constructions
nucléotidiques comprenant un polynucléotide codant pour un polypeptide ou produisant
un acide nucléique d'intérêt, placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur du
gène humain ou murin ABCA7.

15 L'invention a également trait à des vecteurs recombinants, des cellules hôtes
transformées, et des mammifères transgéniques non humains, comprenant un acide
nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7 humain et de souris ou une
construction nucléotidique précitée, ainsi que des procédés pour le criblage de
molécules ou de substances capables de moduler l'activité de l'acide nucléique
20 régulateur du gène ABCA7.

L'invention est en outre relative à des procédés permettant de détecter une
altération de la transcription du gène ABCA7 et ainsi de diagnostiquer un éventuel
dysfonctionnement dans le métabolisme lipidique au niveau des tissus
hématopoïétiques et dans les mécanismes de signalisation cellulaire de l'immunité.

25 Elle a également pour objet des substances ou molécules modulant l'activité
de l'acide nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7 ainsi que des
compositions pharmaceutiques contenant de telles substances ou de telles molécules.

Les protéines transporteurs ABC (ATP-Binding Cassette) constituent une
superfamille extrêmement conservées au cours de l'évolution, de la bactérie à
30 l'homme. Ces protéines sont impliquées dans le transport membranaire de divers
substrats, par exemple des ions, des acides aminés, des peptides, des sucres, des
vitamines ou encore des hormones stéroïdiennes (Higgins et al., *Annu Rev.Cell Biol*, 8,
(1992) 67-113).

La caractérisation de la séquence complète en acides aminés de certains transporteurs ABC a permis de définir une structure générale commune, comprenant notamment, deux repliements de liaison aux nucléotides (Nucleotide Binding Fold ou NBF) avec des motifs de type Walker A et B, ainsi que deux domaines transmembranaires, chacun des domaines transmembranaires étant constitué de six hélices (Klein et al., *BBA*, **1461** (1999), 237-262). La spécificité des transporteurs ABC pour les différentes molécules transportées semble être déterminée par la structure des domaines transmembranaires, alors que l'énergie nécessaire à l'activité de transport est fournie par la dégradation de l'ATP au niveau du repliement NBF (Dean et al., *Curr.Opin.Genet.Dev*, **5** (1995) 779-785).

Plusieurs protéines transporteurs ABC ont été identifiées chez l'homme et un certain nombre d'entre elles ont été associées à diverses maladies.

Par exemple, la mucoviscidose est provoquée par des mutations dans le gène CFTR (cystic fibrosis transmembrane conductance regulator), également désigné ABCC7.

Par ailleurs, certains phénotypes de résistance multiple aux médicaments dans les cellules tumorales ont été associés à des mutations dans les gènes codant des protéines MDR (multi-drug resistance) également désignés ABCB, qui ont également une structure de transporteur ABC.

D'autres transporteurs ABC ont été associés à des affections neuronales et tumorales (brevet US N°5,858,719) ou sont encore potentiellement impliqués dans des maladies provoquées par une altération de l'homéostasie des métaux, notamment la protéine ABC-3.

De même, un autre ABC transporteur, désigné PFIC2 ou ABCB11, semble être impliqué dans une forme de cholestasie intrahépatique familiale progressive, cette protéine étant potentiellement responsable, chez l'homme, de l'exportation des sels biliaires.

Une sous-famille A des transporteurs ABC désignée ABCA a été également identifiée. Elle se caractérise par la présence d'un segment hautement hydrophobe (HH1 : highly hydrophobic) entre les deux domaines transmembranaires, liés aux deux motifs NBF (Broccardo et al., *BBA* **1461** (1999) 395-404). Quatre membres de cette sous famille ont été jusqu'à présent caractérisés. Il s'agit des transporteurs ABCA1 et ABCA2, tous deux localisés sur le chromosome 9, respectivement aux locus 9q22-9q31

et 9q34, ainsi que le transporteur ABCA3 localisé sur le chromosome 16p13.3, et enfin le transporteur ABCA4 ou ABCR localisé sur le chromosome 1p22 (Broccardo et al., 1999). Les membres de cette sous famille sont également fortement conservés au cours de l'évolution des eucaryotes multicellulaires. A titre d'exemples les transporteurs

5 ABCA1 et ABCA4 qui sont les mieux connus présentent une identité respectivement de 95% et de 88% avec leurs orthologues murins. Les membres de cette sous famille sont en outre fortement apparentés, puisque par exemple les transporteurs ABCA1 et ABCA4 présentent une identité de séquence protéique de 50.9%, ainsi qu'une organisation génomique très similaire (Allikmets et al., *Nat. Genet.* (1997) **15**, 236-

10 246 ; Broccardo et al., *Biochim. Biophys. Acta* (1999) **1461**, 395-404 ; Luciani et al., *Genomics* (1994) **21(1)**, 150-9 ; Remaley et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1999) **96(22)**, 12685-90).

Par ailleurs, les membres de la sous-famille A semblent présenter une spécialisation fonctionnelle similaire au niveau du transport des lipides et des

15 phospholipides membranaires. Il a en effet été montré que la perte de la fonction de ces transporteurs affecte le renouvellement des phospholipides de la bicouche des membranes cellulaires. Dans le cas de ABCA4, on constate dans un premier temps un renouvellement anormal des phosphatidyléthanolamine (PE) dans la partie externe de la membrane des cellules à bâtonnets, qui conduit par une succession d'évènements, à

20 une perte totale de l'acuité visuelle (Weng et al., *Cell* (1999) **98(1)**, 13-23. Dans le cas de ABCA1, on constate une distribution anormale des phospholipides membranaires au sein des couches de la membrane plasmique, qui résulte plus précisément en la présence en plus grande quantité de phosphatidylsérine dans la couche externe, et en une perturbation de la concentration de Ca^{2+} .

25 Les transporteurs ABCA1 et ABCA4 ont été particulièrement étudiés. Le gène ABCA1 semble en effet être impliqué dans les pathologies liées à un dysfonctionnement du métabolisme du cholestérol induisant des maladies comme l'athérosclérose, ou des déficiences familiales en HDL (FHD) comme la maladie de Tangier (FR 99/7684000 ; Rust et al., *Nat. Genet.*, **22** (1999) 352-355; Brooks-Wilson et

30 al., *Nat. Genet.*, **22** (1999) 336-345; Bodzioch et al., *Nat. Genet.* **22** (1999) 347-351 ; Orso et al., *Nat. Genet.*, **24** (2000) 192-196). La maladie de Tangier semblerait être liée à un déficit cellulaire dans la translocation du cholestérol cellulaire qui entraîne une dégradation des HDLs, et par là même une perturbation du métabolisme lipoprotéique.

Ainsi, il semblerait que les particules HDL qui n'incorporent pas de cholestérol à partir des cellules périphériques, ne sont pas métabolisées correctement, mais sont au contraire éliminées rapidement de l'organisme. La concentration plasmatique en HDL de ces patients est donc extrêmement réduite et les HDLs n'assurent plus le retour du cholestérol vers le foie. Ce cholestérol s'accumule dans ces cellules périphériques et provoque des manifestations cliniques caractéristiques telles que la formation d'amygdales orangées. De plus, d'autres perturbations lipoprotéiques comme une surproduction de triglycérides ainsi qu'une synthèse et un catabolisme intracellulaire accrus des phospholipides sont observées.

Le transporteur ABCA4 a par ailleurs été associé aux maladies dégénératives et inflammatoires oculaires telles que la maladie récessive de Stargardt (Allikmets et al., 1997) et la dégénérescence de la région maculaire de la rétine liée à l'âge (AMD) (Allikmets et al., *Nat.Genet.* **15** (1997) 236-246 ; Allikmets et al., *Science*, **277** (1997) 1805-1807 ; Cremers et al., *Hum. Mol. Genet.* (1998), **7**(3), 355-62 ; Martinez-Mir et al., *Nat. Genet.* **18** (1998) 11-12; Weng et al., *Cell* (1999) **98**(1), 13-23).

Chez l'homme, un ADNc comprenant la totalité de la phase de lecture ouverte d'un nouveau membre de la sous famille A des transporteurs ABC (« ATP-Binding Cassette») a été récemment cloné à partir d'ARN de macrophages humains, et est désigné ABCA7 (Kaminski et al., *BBR*, **273**(2000), 532-538).

La caractérisation de la séquence complète en acides aminés de ABCA7 indique que le produit protéique présente la structure générale caractéristique des transporteurs ABCA, en ce qu'elle comporte la structure symétrique comprenant les deux domaines transmembranaires et deux motifs NBF. En plus de ces motifs caractéristiques, la protéine ABCA7 présente d'autres motifs qui ont été récemment identifiés comme étant caractéristiques des transporteurs ABCA.

Par ailleurs, la protéine transporteur ABCA7 semble présenter un profil de régulation dépendant des flux de stérol, similaire à celui des autres membres de la sous famille A, et notamment du transporteur ABCA1 (Langman et al., *BBR Com* ; 257(1999), 29-33 ; Laucken et al., *PNAS*, 97(2000) 817-822). Il a été en effet observé
5 par Kaminski et al. (supra) une augmentation de l'expression de ABCA7 après incubation des macrophages humains en présence de lipoprotéines de faible densité acétylées (AcLDL) qui induisent une charge de stérol, ainsi qu'une diminution de l'expression en présence de l'accepteur de cholestérol HDL3 qui provoque une diminution de la charge en stérol.

10 D'autre part, ABCA7 présente comme les autres membres ABCA une certaine spécialisation de son expression tissulaire, le messenger de ABCA7 étant présent de manière prédominante dans les tissus hématopoïétiques constitués par les lymphocytes, les granulocytes, le thymus, la rate, la moelle osseuse, ou les tissus foetaux, alors que l'expression de ABCA1 est prédominante dans les macrophages et
15 le placenta, et que celle de ABCA4 est restreinte dans la rétine (Rust et al., *Nat. Genet*, 22, (1999) 352-355).

L'ensemble des données précédemment exposées relatives à l'identité des séquences protéiques, au mécanisme de régulation et la spécificité de l'expression suggère que le gène ABCA7 constitue un autre transporteur de la sous famille A, et
20 que celui-ci présente une fonction similaire ou même redondante à celle des autres transporteurs et notamment à celle du transporteur ABCA1. Ce transporteur interviendrait donc vraisemblablement en tant que médiateur dans le métabolisme des lipides, et il est très possible qu'il soit, au même titre que le transporteur ABCA1, responsable de certains dysfonctionnements ou déficiences métaboliques. Par ailleurs,
25 la spécialisation de l'expression du transporteur ABCA7 indique vraisemblablement que ce dernier joue un rôle dans le transport transmembranaire (export) des lipides dans les tissus hématopoïétiques, et possiblement dans les mécanismes de signalisation lymphocytaires de l'immunité, par exemple dans le cas de la pathogenèse de l'athérosclérose comme l'indiquent Kaminski et al. (Supra).

30 Bien que l'expression du gène ABCA7 humain semble être régulée selon le type de cellule ou encore la situation métabolique d'un type cellulaire donné, la ou les séquences permettant de réguler ce gène n'étaient pas connues.

Or, il existe un besoin dans l'état de la technique d'identifier ces séquences régulatrices pour les raisons suivantes:

a) Ces séquences sont susceptibles d'être mutées chez des patients atteints d'une pathologie liée à un déficit dans le transport des lipides, possibles substrats de la protéine ABCA7 ou chez les patients susceptibles de développer de telles pathologies.

La caractérisation des séquences régulatrices du gène ABCA7 humain permettrait de détecter des mutations chez des patients, en particulier de diagnostiquer les individus appartenant à des groupes familiaux à risques. En outre, l'isolement de ces séquences régulatrices rendrait possible la complémentation de la séquence mutée par une séquence fonctionnelle susceptible de pallier les dysfonctionnements métaboliques induits par la ou les mutations diagnostiquées, grâce à la construction de moyens thérapeutiques ciblés, tels que des moyens destinés à la thérapie génique.

b) La caractérisation des séquences régulatrices du gène ABCA7 mettrait à la disposition de l'homme du métier des moyens aptes à permettre la construction par génie génétique puis l'expression de gènes déterminés dans les types cellulaires dans lesquels le gène ABCA7 est préférentiellement exprimé.

c) Par ailleurs, certaines parties des séquences régulatrices du gène ABCA7 pourraient constituer des séquences promotrices constitutives à fort niveau d'expression, de nature à permettre la construction de moyens nouveaux pour l'expression de séquences déterminées dans les cellules, complétant un ensemble de moyens déjà existants.

Force est de constater que, malgré les efforts entrepris, les séquences régulatrices du gène ABCA7 étaient restées jusqu'à ce jour totalement inconnues.

Les inventeurs ont désormais isolé puis analysé un ADN génomique humain de 33,5kb comprenant les 46 exons du cadre ouvert de lecture du gène ABCA7 ainsi que la région non transcrite d'environ 1,1kb localisée du côté 5' de l'exon 1, en amont du site +1 de transcription, et comprenant des signaux de régulation du gène ABCA7 humain.

Les inventeurs ont également isolé puis analysé un ADN génomique murin de 20Kb comprenant les 45 exons du cadre ouvert de lecture du gène ABCA7 ainsi que la région non transcrite d'environ 1,2Kb chez la souris localisée du côté 5' de l'exon 1, en amont du site +1 de transcription, et comprenant des signaux de régulation du gène ABCA7 murin.

DEFINITIONS GENERALES

5 Le terme "isolé" au sens de la présente invention désigne un matériel biologique (acide nucléique ou protéine) qui a été soustrait à son environnement originel (l'environnement dans lequel il est localisé naturellement).

 Par exemple un polynucléotide présent à l'état naturel dans une plante ou un animal n'est pas isolé. Le même polynucléotide séparé des acides nucléiques
10 adjacents au sein desquels il est naturellement inséré dans le génome de la plante ou l'animal est considéré comme "isolé".

 Un tel polynucléotide peut être inclus dans un vecteur et/ou un tel polynucléotide peut être inclus dans une composition et demeurer néanmoins à l'état isolé du fait que le vecteur ou la composition ne constitue pas son environnement
15 naturel.

 Le terme "purifié" ne nécessite pas que le matériel soit présent sous une forme de pureté absolue, exclusive de la présence d'autres composés. Il s'agit plutôt d'une définition relative.

 Un polynucléotide est à l'état "purifié" après purification du matériel de départ
20 ou du matériel naturel d'au moins un ordre de grandeur, de préférence 2 ou 3 et préférentiellement 4 ou 5 ordres de grandeur.

 Aux fins de la présente description, l'expression "séquence nucléotidique" peut être employée pour désigner indifféremment un polynucléotide ou un acide nucléique. L'expression "séquence nucléotidique" englobe le matériel de génétique lui-
25 même et n'est donc pas restreinte à l'information concernant sa séquence.

 Les termes "acide nucléique", "polynucléotide", "oligonucléotide" ou encore "séquence nucléotidique" englobent des séquences d'ARN, d'ADN, d'ADNc ou encore des séquences hybrides ARN/ADN de plus d'un nucléotide, indifféremment sous la forme simple chaîne ou sous la forme de duplex.

30 Le terme "nucléotide" désigne à la fois les nucléotides naturels (A, T, G, C) ainsi que des nucléotides modifiés qui comprennent au moins une modification telle que (1) un analogue d'une purine, (2) un analogue d'une pyrimidine, ou (3) un sucre

analogue, des exemples de tels nucléotides modifiés étant décrits par exemple dans la demande PCT N°WO 95/04 064.

Aux fins de la présente invention, un premier polynucléotide est considéré comme étant " complémentaire " d'un second polynucléotide lorsque chaque base du
5 premier nucléotide est appariée à la base complémentaire du second polynucléotide dont l'orientation est inversée. Les bases complémentaires sont A et T (ou A et U), ou C et G.

Par " variant " d'un acide nucléique selon l'invention, on entendra un acide nucléique qui diffère d'une ou plusieurs bases par rapport au polynucléotide de
10 référence. Un acide nucléique variant peut être d'origine naturelle, tel qu'un variant allélique retrouvé naturellement, ou peut être aussi un variant non naturel obtenu par exemple par des techniques de mutagenèse.

En général, les différences entre l'acide nucléique de référence et l'acide nucléique variant sont réduites de telle sorte que les séquences nucléotidiques de
15 l'acide nucléique de référence et de l'acide nucléique variant sont très proches et, dans de nombreuses régions, identiques. Les modifications de nucléotides présentes dans un acide nucléique variant peuvent être silencieuses, ce qui signifie qu'elles n'altèrent pas les séquences d'acides aminés codées par ledit acide nucléique variant.

Cependant, les changements de nucléotides dans un acide nucléique variant
20 peuvent aussi produire des substitutions, additions, délétions dans le polypeptide codé par l'acide nucléique variant par rapport aux peptides codés par l'acide nucléique de référence. En outre, de telles modifications de nucléotides dans les régions codantes peuvent produire des substitutions, conservatives ou non conservatives dans la séquence d'acides aminés.

De préférence, les acides nucléiques variants selon l'invention codent pour
25 des polypeptides qui conservent sensiblement la même fonction ou activité biologique que le polypeptide de l'acide nucléique de référence ou encore la capacité à être reconnus par des anticorps dirigés contre les polypeptides codés par l'acide nucléique initial.

Certains acides nucléiques variants coderont ainsi pour des formes mutées
30 des polypeptides dont l'étude systématique permettra de déduire des relations structure activité des protéines en question. La connaissance de ces variants par rapport à la

maladie étudiée est fondamentale puisqu'elle permet de comprendre la cause moléculaire de la pathologie.

On entendra par "fragment" un acide nucléique de référence selon l'invention, une séquence nucléotidique de longueur réduite par rapport à l'acide
5 nucléique de référence et comprenant, sur la partie commune, une séquence en nucléotides identique à l'acide nucléique de référence.

Un tel "fragment" d'acide nucléique selon l'invention peut être le cas échéant, compris dans un polynucléotide plus grand duquel il est constitutif.

De tels fragments comprennent, ou alternativement consistent en, des
10 oligonucléotides de longueur allant de 20 à 25, 30, 40, 50, 70, 80, 100, 200, 500, 1000 ou 1500 nucléotides consécutifs d'un acide nucléique selon l'invention.

Par "fragment biologiquement actif" d'un acide régulateur de la transcription selon l'invention, on entend un acide nucléique capable de moduler la transcription d'une séquence d'ADN placée sous son contrôle. Un tel fragment biologiquement actif
15 comprend un promoteur de base et/ou un élément régulateur, tels que définis dans la présente description.

Par "acide nucléique régulateur" selon l'invention, on entend un acide nucléique qui active et/ou régule l'expression d'une séquence d'ADN sélectionnée et placée sous son contrôle.

20 Par "promoteur", on entend une séquence d'ADN reconnue par les protéines de la cellule impliquées dans l'initiation de la transcription d'un gène. Le promoteur de base est l'acide nucléique régulateur minimal capable d'initier la transcription d'une séquence d'ADN déterminée qui est placée sous son contrôle. En général, le promoteur de base consiste en une région d'ADN génomique en amont du site
25 d'initiation de la transcription où se trouve très souvent une séquence CAAT (où se fixe un ou plusieurs facteurs protéiques de transcription) ainsi que, sauf dans de rares cas comme dans certains gènes domestiques, la séquence TATA ou "TATA box" ou une boîte apparentée. C'est au niveau de cette boîte que se fixe une ARN polymérase ainsi qu'un ou plusieurs facteurs de transcription, tels que les protéines se fixant sur la boîte
30 "TATA" (TATA box Binding Proteins ou TBP).

Une séquence nucléotidique est "placée sous le contrôle" d'un acide nucléique régulateur lorsque cet acide nucléique régulateur est localisé, par rapport à la

séquence nucléotidique, de telle manière à contrôler l'initiation de la transcription de la séquence nucléotidique par une ARN polymérase.

Par "élément régulateur" ou "séquence régulatrice" au sens de l'invention, on entend un acide nucléique comprenant des éléments capables de moduler la transcription initiée par un promoteur de base, tels que des sites de fixation de divers facteurs de transcription, des séquences "enhancer" d'augmentation de la transcription ou des séquences "silencer" d'inhibition de la transcription.

Par séquence "enhancer", on entend une séquence d'ADN incluse dans un acide nucléique régulateur capable d'augmenter ou de stimuler la transcription initiée par un promoteur de base.

Par séquence "silencer", on entend une séquence d'ADN incluse dans un acide régulateur capable de diminuer ou d'inhiber la transcription initiée par un promoteur de base.

Des éléments régulateurs peuvent être présents en dehors de la séquence localisée du côté 5' du site d'initiation de la transcription, par exemple dans les introns et les exons, y compris dans les séquences codantes.

Le promoteur de base et l'élément régulateur peuvent être "spécifiques d'un ou plusieurs tissus", s'ils permettent la transcription d'une séquence d'ADN déterminée, placée sous leur contrôle, préférentiellement dans certaines cellules (par exemple les cellules spécifiques d'un tissu), c'est à dire soit exclusivement dans les cellules de certains tissus, soit à des niveaux de transcription différents selon les tissus.

Par "facteur de transcription", on entend des protéines qui interagissent préférentiellement avec des éléments régulateurs d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, et qui stimulent ou au contraire répriment la transcription. Certains facteurs de transcription sont actifs sous forme de monomères, d'autres étant actifs sous la forme d'homo- ou d'hétérodimères.

Le terme "modulation" vise soit une régulation positive (augmentation, stimulation) de la transcription, soit une régulation négative (diminution, inhibition, blocage) de la transcription.

Le "pourcentage d'identité" entre deux séquences de nucléotides ou d'acides aminés, au sens de la présente invention, peut être déterminé en comparant deux séquences alignées de manière optimale, à travers une fenêtre de comparaison.

La partie de la séquence nucléotidique ou polypeptide dans la fenêtre de comparaison peut ainsi comprendre des additions ou des délétions (par exemple des "gaps") par rapport à la séquence de référence (qui ne comprend pas ces additions ou ces délétions) de manière à obtenir un alignement optimal des deux séquences.

5 Le pourcentage est calculé en déterminant le nombre de positions auquel une base nucléique ou un résidu d'acide aminé identique est observé pour les deux séquences (nucléique ou peptidique) comparées, puis en divisant le nombre de positions auquel il y a identité entre les deux bases ou résidus d'acides aminés par le nombre total de positions dans la fenêtre de comparaison, puis en multipliant le résultat
10 par 100 afin d'obtenir le pourcentage d'identité de séquence.

L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé de manière informatique à l'aide d'algorithmes connus contenus dans le package de la Société WISCONSIN GENETICS SOFTWARE PACKAGE, GENETICS COMPUTER GROUP (GCG), 575 Science Doctor, Madison, WISCONSIN.

15 À titre d'illustration, le pourcentage d'identité de séquence pourra être effectué à l'aide du logiciel BLAST (versions BLAST 1.4.9 de mars 1996, BLAST 2.0.4 de février 1998 et BLAST 2.0.6 de septembre 1998), en utilisant exclusivement les paramètres par défaut (Altschul et al, *J. Mol. Biol.*, (1990) **215** : 403-410 ; Altschul et al, *Nucleic Acids Res.* (1997) **25** : 3389-3402). Blast recherche des séquences
20 similaires/homologues à une séquence "requête" de référence, à l'aide de l'algorithme d'Altschul et al. (Supra). La séquence requête et les bases de données utilisées peuvent être peptidiques ou nucléiques, toute combinaison étant possible.

Par "conditions d'hybridation de forte stringence" au sens de la présente invention, on entendra les conditions suivantes :

25

1- Compétition des membranes et PRE HYBRIDATION :

- Mélanger : 40µl ADN sperme de saumon (10mg/ml)
+ 40 µl ADN placentaire humain (10mg/ml)

30

- Dénaturer 5 mn à 96°C, puis plonger dans la glace le mélange.

- Oter le tampon SSC 2X et verser 4 ml de mix formamide dans le tube d'hybridation contenant les membranes.

- Ajouter le mélange des deux ADNs dénaturés.

5

- Incubation à 42°C pendant 5 à 6 heures, avec rotation.

2- Compétition de la sonde marquée :

10 - Ajouter à la sonde marquée et purifiée 10 à 50 µl ADN Cot I, selon la quantité d'hybridations non spécifiques.

- Dénaturer 7 à 10 mn à 95°C.

15 - Incuber à 65°C pendant 2 à 5 heures.

3- Hybridation:

- Oter le mix de pré hybridation.

20

- Mélanger 40 µl ADN sperme de saumon + 40 µl ADN placentaire humain ; dénaturer 5 mn à 96°C, puis plonger dans la glace.

25 - Ajouter dans le tube d'hybridation 4 ml de mix formamide, le mélange des deux ADN et la sonde marquée/ADN Cot I dénaturée.

- Incuber 15 à 20 heures à 42°C, avec rotation.

4- Lavages :

30

- Un lavage à température ambiante dans du SSC 2X, pour rincer.

- 2 fois 5 minutes à température ambiante SSC 2X et SDS 0,1%.

- 2 fois 15 minutes SSC 0,1X et SDS 0,1% à 65°C.

Envelopper les membranes dans du Saran et exposer.

Les conditions d'hybridation décrites plus haut sont adaptées à l'hybridation dans des conditions de forte stringence, d'une molécule d'acide nucléique d'une
5 longueur variable de 20 nucléotides à plusieurs centaines de nucléotides.

Il va sans dire que les conditions d'hybridation ci-dessus décrites peuvent être adaptées en fonction de la longueur de l'acide nucléique dont l'hybridation est recherchée ou du type de marquage choisi, selon des techniques connues de l'homme du métier.

10 Les conditions convenables d'hybridation peuvent par exemple être adaptées selon l'enseignement contenu dans l'ouvrage de HAMES et HIGGINS (1985) (Nucleic acid Hybridization iapractical Approach, Hames and Higgins Ed., IRL Press, Oxford) ou encore dans l'ouvrage de F. AUSUBEL et al (1999) (Currents Protocols in Molecular Biology, Green Publishing Associates and Wiley Interscience, N.Y).

15 Par "transformation" au sens de l'invention, on entend l'introduction d'un acide nucléique (ou d'un vecteur recombinant) dans une cellule hôte. Le terme "transformation" englobe également une situation dans laquelle le génotype d'une cellule a été modifié par un acide nucléique exogène, et que cette cellule ainsi transformée exprime ledit acide nucléique exogène, par exemple sous la forme d'un
20 polypeptide recombinant ou encore sous la forme d'un acide nucléique sens ou antisens.

Par "animal transgénique" au sens de l'invention, on entend un animal non humain, de préférence un mammifère, dans lequel une ou plusieurs cellules contiennent un acide nucléique hétérologue introduit grâce à l'intervention humaine, tel
25 que par des techniques de transgénèse bien connues de l'homme du métier. L'acide nucléique hétérologue est introduit directement ou indirectement dans la cellule ou le précurseur de la cellule, par manipulation génétique telle que micro-injection ou infection par un virus recombinant. L'acide nucléique hétérologue peut être intégré dans le chromosome, ou peut se présenter sous la forme d'ADN se répliquant de
30 manière extra-chromosomique.

ACIDE NUCLEIQUE REGULATEUR DU GENE ABCA7

A partir de banques de vecteurs de type BAC préparées à partir de matériel génomique humain et murin, les inventeurs ont réussi à isoler un acide nucléique régulateur des gènes ABCA7 humain et murin.

Les inventeurs ont déterminé par une analyse comparative des séquences génomiques humaines et murines, un acide nucléique régulateur comprenant particulièrement deux modules de régulation conservés chez l'homme et la souris. Les inventeurs ont donc déterminé que l'acide nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7, lorsqu'il est défini de la manière la plus large, est constitué d'un polynucléotide comprenant, de l'extrémité 5' vers l'extrémité 3':

10 - une région non transcrite d'environ 1,2 kb localisée en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7, et

- la séquence partielle du premier exon du gène ABCA7.

Dans sa définition la plus générale, l'acide nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7 comprend l'ensemble des régions nucléotidiques telles que définies ci-dessus et est identifié dans la séquence SEQ ID N°1 selon l'invention.

Ainsi, un premier objet de l'invention consiste en un acide nucléique comprenant un polynucléotide ayant au moins 20 nucléotides consécutifs de la séquence nucléotidique SEQ ID N°1, ou un acide nucléique de séquence complémentaire.

20 La région d'environ 1,1Kb localisée en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7, et comprenant le promoteur de base et de multiples éléments régulateurs de la transcription est comprise également dans la séquence identifiée comme la SEQ ID N°2 selon l'invention.

Plus précisément, le nucléotide en position 1 de la séquence SEQ ID N°2 est le nucléotide en position -1111, par rapport au site d'initiation de la transcription du gène ABCA7.

Selon un second aspect, l'invention est relative à un acide nucléique comprenant un polynucléotide ayant au moins 20 nucléotides consécutifs de la séquence nucléotidique SEQ ID N°2, ou un acide nucléique de séquence complémentaire.

30 Comme déjà précisé ci-dessus, l'acide nucléique régulateur de la transcription du gène ABCA7 de séquence SEQ ID N°1 comprend, outre une région 5' régulatrice non transcrite, également la partie 5' du premier exon du gène ABCA7 humain.

La séquence partielle du premier exon du gène ABCA7 est définie comme la séquence SEQ ID N°3.

Selon un troisième aspect, l'invention est relative à un acide nucléique comprenant un polynucléotide ayant au moins 20 nucléotides consécutifs de séquence
5 nucléotidique SEQ ID N° 3 ou un acide nucléique de séquence complémentaire.

De préférence, un acide nucléique selon l'invention sera sous une forme isolée et/ou purifiée.

Fait également partie de l'invention tout fragment " biologiquement actif " d'un acide nucléique tel que défini ci-dessus.

10 Selon encore un autre aspect, l'invention concerne un acide nucléique ayant au moins 80% d'identité en nucléotides avec un acide nucléique tel que défini ci-dessus.

En particulier, cet acide nucléique peut être d'origine murine, et est constitué d'un polynucléotide de séquence nucléotidique SEQ ID NO : 4 comprenant de
15 l'extrémité 5' vers 3' :

- une région non transcrite d'environ 1,2 Kb localisé en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7 murin, et
- la séquence partielle du premier exon du gène ABCA7.

La région d'environ 1,2Kb localisée en amont du site d'initiation de la
20 transcription du gène ABCA7, et comprenant le promoteur de base et de multiples éléments régulateurs de la transcription est comprise également dans la séquence identifiée comme la SEQ ID NO :5 selon l'invention.

L'invention englobe également un acide nucléique caractérisé en ce qu'il hybride, dans des conditions de forte stringence, avec l'un quelconque des acides
25 nucléiques selon l'invention.

L'invention concerne aussi un acide nucléique ayant au moins 80%, avantageusement 90%, de préférence 95% et de manière tout à fait préférée 98% d'identité en nucléotides avec un acide nucléique comprenant au moins 20 nucléotides consécutifs d'un polynucléotide choisi dans le groupe constitué des séquences
30 nucléotidiques SEQ ID N°1 à SEQ ID N°5.

ANALYSE DETAILLEE DES SEQUENCES SEQ ID N° :2 ET SEQ ID N° :5

Selon une caractéristique principale, l'acide nucléique de séquence SEQ ID N°2, compris dans l'acide nucléique régulateur du gène humain ABCA7 de séquence SEQ ID N°1, comprend les éléments constitutifs d'un promoteur de base, respectivement une boîte "TATA" dégénérée (TTAAG) localisée 30pb en amont du point d'initiation de la transcription. De même, une boîte "TATA" dégénérée (TTAAA) a été localisée 30pb en amont du point d'initiation de la transcription, sur l'acide nucléique murin de séquence SEQ ID NO : 5, compris dans l'acide nucléique régulateur du gène murin ABCA7 de séquence SEQ ID NO :4. Les boîtes "TATA" sur les promoteurs des gènes humain et murin ABCA7 ainsi que la position des points d'initiation de la transcription sont représentés sur la Figure 1.

Les séquences régulatrices SEQ ID N°2 et SEQ ID N°5 comprennent également de nombreux sites de fixation de divers facteurs de transcription susceptibles de réguler positivement ou négativement l'activité du promoteur de base.

Ainsi, les différentes séquences caractéristiques des sites de fixation de divers facteurs de transcription dans les séquences SEQ ID N°2 et SEQ ID N°5 ont été identifiées par les inventeurs de la manière détaillée ci-après.

Les séquences SEQ ID N°2 et SEQ ID N°5 ont été utilisées comme séquences de référence et traitées selon les algorithmes des logiciels MatInspector (Quandt et al., *Nucl Acid Res* (1995) **23(23)**, 4878-4884) et comparées aux données répertoriées dans plusieurs bases de données telles que Transfac et la présence ainsi que la localisation des différentes sites caractéristiques des séquences SEQ ID N°2 et 5, et particulièrement les sites de liaison des facteurs de transcription ont été déterminés selon des méthodes bien connues de l'homme du métier.

Plus particulièrement, une analyse détaillée a été réalisée en utilisant les logiciels NNPP (Reese et al. *J. Comput Biol.* (1997) **4(3)** 311-23), TSSG, et TSSW (Soloryev et al., *Ismb* (1995), **5**, 294-302), sur les 1,1 kb et 1,2Kb en amont du site d'initiation respectivement des séquences SEQ ID N°2 et 5, a permis d'identifier 193 et 233 sites putatifs de liaison aux facteurs de transcription, chez l'homme et la souris lors de la première étape de la recherche. Ceux-ci sont répertoriés dans les tableaux 1 et 2. Après compilation et filtrage comme décrit ci-dessus, et comparaison des séquences régulatrices humaine et murine, deux modules communs aux séquences régulatrices humaine et murine ont été déterminés, et 5 et 3 sites de fixation possibles de facteurs de transcription différents ont été retenus respectivement dans les modules 1 et 2 sur

les séquences humaine et murine. La position avec les scores de filtration des sites de fixation aux facteurs de transcription identifiés dans les 1111 pb de la séquence SEQ ID N°2 selon l'invention, ainsi que dans les 1220 pb de la séquence SEQ ID NO : 5 selon l'invention, sont présentés dans le tableau 3. Les différents sites de fixation ont
5 été aussi schématiquement représentés dans la figure 1.

Les positions des nucléotides de début de chacun des sites de fixation aux facteurs de transcription sont désignées en référence à la numérotation des nucléotides des séquences SEQ ID N°2 et NO :5 par rapport au point +1 d'initiation de la transcription, contenu dans les séquences SEQ ID N°1 et N°4, telle que représentée
10 sur la figure 1.

La Figure 2 représente la séquence SEQ ID NO : 1, qui contient la séquence SEQ ID N°2. Le premier nucléotide en position 5' de la séquence de la Figure 2 est également le premier nucléotide en position 5' de l'une des séquences nucléiques SEQ ID N°1 et SEQ ID N° 2. Sur la Figure 2, les sites de fixation aux facteurs de
15 transcription sont illustrés en caractères gras qui délimitent leurs positions respectives, et leurs désignations respectives sont indiquées au-dessus de chacune des boîtes correspondantes. La numérotation des nucléotides de la séquence représentée à la figure 2 a été effectuée par rapport au site d'initiation de la transcription, numéroté "+1", le nucléotide en 5' du nucléotide +1 étant lui-même numéroté "-1".

La Figure 3 représente la séquence SEQ ID NO : 4, qui contient la séquence SEQ ID N°5. Le premier nucléotide en position 5' de la séquence de la figure 3 est également le premier nucléotide en position 5' de l'une des séquences nucléiques SEQ ID N°4 et SEQ ID N° 5. Sur la figure 3, les sites de fixation aux facteurs de transcription
20 sont illustrés en caractères gras qui délimitent leurs positions respectives, et leurs désignations respectives sont indiquées au-dessus de chacune des boîtes correspondantes. La numérotation des nucléotides de la séquence représentée à la figure 3 a été effectuée par rapport au site d'initiation de la transcription, numéroté "+1", le nucléotide en 5' du nucléotide +1 étant lui-même numéroté "-1".

L'analyse génomique des acides nucléiques régulateurs des séquences
30 humaine et murine SEQ ID NO :2 et 5, a révélé deux modules de régulation qui sont notés module 1 et module 2, et sont particulièrement conservés chez l'homme et la souris. Ces deux modules de régulation comprennent des sites de fixation de facteur de transcription ubiquitaires, tels que NF1, NFY et AP4, ainsi que des sites de fixation

de facteurs de transcription spécifiques du foie tels que CEBP et HNF3B. Ceci est compatible avec les données expérimentales d'expression, présentées dans l'Exemple 3 ci-après, et fournies par Kaminski et al. (Supra), qui montrent une expression du gène ABCA7 dans les tissus fœtaux hépatiques humains.

- 5 Les deux modules de régulation conservés chez la souris et l'homme comprennent également des sites de fixation de facteurs de transcription tels que GFI1 et NFkappaB (NFkB), qui sont essentiellement présents dans les organes lymphatiques.

La description des caractéristiques des sites de fixation à chacun des facteurs
10 de transcription désignés dans les figures 2 et 3 ainsi que dans le tableau 3 peut être aisément retrouvée par l'homme du métier. Une courte description de certains d'entre eux en est faite ci-après.

Facteur NF1:

- 15 Les caractéristiques de fixation du facteur NF1 peuvent être retrouvées notamment dans les entrées suivantes de la base de données Medline: 88319941, 91219459, 86140112, 87237877, 90174951, 89282387, 90151633, 892618136, 86274639, 87064414, 89263791. Le facteur NF1 reconnaît la séquence palindromique suivante: "TGGCANNNTGCCA (NNTTGGCNNNNNNNCCNN)" qui est présente
20 dans des promoteurs viraux et cellulaires et au niveau de l'origine de réplication des adénovirus de type 2. Ces protéines sont capables d'activer la transcription et la réplication. Elles se fixent à l'ADN sous la forme d'un homodimère.

Facteur NFY :

- 25 Le facteur NFY est notamment décrit dans l'entrée n°P25.208 de la base de données Swissprot. C'est un facteur qui reconnaît un motif "CCAAT" dans les séquences promotrices telles que celles du gène codant pour le collagène de type 1, de l'albumine et de la β -actine. Il s'agit d'un stimulateur de la transcription.

30

Facteur AP4:

L'homme du métier pourra se référer avantageusement aux articles correspondant aux entrées suivantes de la base de données Medline : 2123466,

2833704, 8530024. Le facteur AP4 a un domaine de liaison à l'ADN du type "helix loop helix" (bHLH) ainsi que deux domaines de dimérisation. Le site consensus du facteur AP4 est le suivant « CWCAGCTGGN », et celui-ci se chevauche généralement avec un site de fixation du facteur AP1.

5

CEBP

Les caractéristiques de liaison au facteur CEBP peuvent être retrouvées notamment dans les entrées suivantes de la base de données Medline: 93315489, 91248826, 94193722, 93211931, 92390404, 90258863, 94088523, 90269225 et 10 96133958. Il s'agit d'un activateur de la transcription important dans la régulation de gènes impliqués dans les réponses immunes et inflammatoires. Il se fixe spécifiquement à un élément de réponse à IL-1 dans le gène de l'IL-6. Il joue vraisemblablement un rôle dans la régulation de la phase aiguë de l'inflammation et dans l'hémopoïèse. Le site de reconnaissance consensus est le suivant: "T(T/G) 15 NNGNAA(T/G)".

Facteur HNF3B:

L'homme du métier pourra se référer avantageusement à l'article de OVERDIER et al. (1994, Mol. Cell Biol. vol.14: 2755-2766), ainsi qu'aux entrées suivantes de la base de 20 données Medline: 91352065, 91032994, 92345837, 89160814, 91187609, 91160974, 91029477, 94301798 et 94218249. Ce facteur de transcription agit comme activateur de nombreux gènes du foie tels que des gènes AFT, de l'albumine, de la tyrosine aminotransférase et interagit avec des régions régulatrices agissant en *cis* de ces gènes.

25

GFI1

Les caractéristiques de liaison au facteur GFI1 peuvent être retrouvées notamment dans les entrées suivantes de la base de données Medline : 10762661, 9931446, 9571157, 9285685, 9070650, et 7789186. Le gène GFI1 code pour une 30 protéine en doigt de zinc impliquée dans la régulation transcriptionnelle et plus particulièrement dans la voie de signalisation de l'interleukine 2. Le site de reconnaissance consensus est le suivant : « NNNNNNAAATCANNNGNNNNNNN »

Facteur NFkappa-B:

L'homme du métier pourra avantageusement se référer aux articles correspondant aux entrées suivantes de la base de données Medline: 95369245, 91204058, 94280766, 89345587, 93024383, 88248039, 94173892, 91088538, 5 91239561, 91218850, 92390404, 90156535, 93377072, 92097536, 93309429, 93267517, 92037544, 914266911, 91105848 et 95073993. Le facteur NFkappa-B est un hétérodimère constitué d'une première sous-unité de 50 kDa et d'une seconde sous-unité de 65 kDa. Deux hétérodimères peuvent former un tétramère labile. Sa fixation à l'ADN dépend de la présence de zinc (Zn^{++}). Il peut être induit par de nombreux agents tels que le TNF, la PKA ou encore la PKC. C'est un régulateur clef de 10 gènes impliqués dans des réponses à l'infection, à l'inflammation, ainsi qu'au stress.

Une caractéristique essentielle de l'acide nucléique régulateur selon l'invention, et plus particulièrement de la séquence localisée en amont du site d'initiation de la transcription comprise à la fois dans la séquence SEQ ID N°2 et dans 15 la séquence SEQ ID N°5 est la présence de motifs caractéristiques de sites putatifs de liaison à des facteurs de transcription impliqués dans l'expression génique des lymphocytes T, tels que les facteurs de transcription CEBP, NFkB, et GFI1.

GFI1 est un proto-oncogène qui code pour une protéine nucléaire en doigt de zinc impliquée dans la voie de signalisation par les cytokines et dans l'amplification 20 clonale des cellules T (Zweidler-McKay, et al., *Mol. Cell. Biol.* (1996), **16**(8), 4024-4034). Le facteur de transcription GFI1 qui agit comme un répresseur transcriptionnel des gènes qui inhibent l'activation des cellules T et l'oncogénèse. Il est spécifiquement présent dans le thymus, la rate et les lymphocytes T.

Les facteurs de transcription CEBP et NFkappaB qui sont exprimés dans le 25 thymus, la rate et les lymphocytes T, sont bien connus de l'homme du métier et agissent en coopération dans la médiation de l'induction de l'expression des gènes des lymphocytes T (Runch et al., 1994) et des cellules HepB3 (Shimizu et al., *Gene*, (1994) **149**, 305-310).

Les positions des nucléotides de début, par rapport au site d'initiation de la 30 transcription qui sont à -498 et -469 pour les sites CEBP, et à -260 pour le site NFkB, sur le module régulateur humain, et à -787 et -760, pour les sites CEBP, et à -301 pour le site NFkB, montrent que les deux sites de régulation sont plus éloignés dans le promoteur de souris. Toutefois, il est vraisemblable que les deux sites se rapprochent

dans une structure tridimensionnelle afin de permettre la coactivation par les deux facteurs CEBP et NFkB.

La présence de ces sites potentiels de fixation au CEBP et au NFkB de manière conservée chez l'homme et la souris sur les acides nucléiques régulateurs selon l'invention est compatible avec l'observation selon laquelle l'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 humaine est prédominante dans les tissus hématopoïétiques et les lymphocytes T, et interviendrait très probablement dans la médiation cellulaire de l'immunité, notamment dans la pathogenèse de l'athérosclérose (Kaminski et al. Supra).

Comme déjà mentionné précédemment, l'invention concerne un acide nucléique comprenant un polynucléotide ayant au moins 20 nucléotides consécutifs de l'une des séquences nucléotidiques SEQ ID N°1 ou 2, et SEQ ID N°4 ou 5, ainsi qu'un acide nucléique de séquence complémentaire.

Sont englobés dans la définition ci-dessus les acides nucléiques comprenant un ou plusieurs fragments " biologiquement actifs " de l'une des séquences SEQ ID N°1 ou 2, et SEQ ID N°4 ou 5. L'homme du métier peut aisément obtenir des fragments biologiquement actifs de ces séquences, en se référant notamment au tableau 3 ci-dessus ainsi qu'aux figures 2 et 3 dans lesquels les différents motifs caractéristiques de la séquence régulatrice du gène ABCA7 sont présentés. L'homme du métier pourra ainsi obtenir de tels fragments biologiquement actifs par synthèse chimique totale ou partielle des polynucléotides correspondants ou encore en faisant agir des endonucléases de restriction afin d'obtenir des fragments d'ADN recherchés, les sites de restriction présents sur les séquences SEQ ID N°1 à SEQ ID N°5 pouvant être aisément retrouvés à partir de l'information de séquence, à l'aide de logiciels courants de cartographie de restriction tel que GCG version 9.1 module map.

L'obtention de fragments d'acides nucléiques déterminés à l'aide d'endonucléases de restriction est par exemple décrite dans l'ouvrage de SAMBROOK et al., (*Molecular cloning: a laboratory manual*, 2ed. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold spring Harbor, New York (1989)).

L'invention est donc également relative à un acide nucléique tel que défini ci-dessus, capable de moduler la transcription d'un polynucléotide placé sous son contrôle.

Selon un premier mode de réalisation préféré, un fragment biologiquement actif d'un acide nucléique régulateur de la transcription selon l'invention comprend un premier module conservé (module 2) qui comprend le promoteur de base (boîte TATA) allant du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -390, par rapport au site d'initiation de la transcription, le premier nucléotide transcrit étant le nucléotide en position 1112 de la séquence nucléotidique SEQ ID N°1, ou le nucléotide en position 1221 de la séquence nucléotidique SE ID NO :4.

Selon un second mode de réalisation, un fragment biologiquement actif d'un acide nucléique régulateur de la transcription selon l'invention comprend les modules 1 et 2 conservés (figure 1) du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -860, par rapport au site d'initiation de la transcription, le premier nucléotide transcrit étant le nucléotide en position 1112 de la séquence nucléotidique SEQ ID N°1, ou le nucléotide en position 1221 de la séquence nucléotidique SE ID NO :4.

Selon un troisième mode de réalisation, un tel fragment biologiquement actif d'un acide régulateur de la transcription selon l'invention comprend, outre le promoteur de base (core promoter) et les éléments régulateurs proximaux, également d'autres éléments régulateurs tels que les différents sites GFI1, HNF3B, CEBPB, NF1 et s'étend du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -1111, par rapport au site d'initiation de la transcription, le premier nucléotide transcrit étant le nucléotide en position 1112 de la séquence nucléotidique SEQ ID N°1, et au nucléotide en position -1220, par rapport au site d'initiation de la transcription, le premier nucléotide transcrit étant le nucléotide en position 1221 de la séquence nucléotidique SEQ ID N°4.

ANALYSE DE L'EXON 1

Le demandeur a également identifié les séquences nucléotidiques localisées en aval du site d'initiation de la transcription et correspondant à l'extrémité 5' de l'exon 1, des gènes humain et murin codant pour la protéine ABCA7.

Plus précisément, l'extrémité 5' de l'exon 1, d'une taille de 1210 nucléotides, débute au nucléotide en position 1112 de la séquence SEQ ID N°1 et se termine au nucléotide en position 2322 de la séquence SEQ ID N°1. L'extrémité 5' de l'exon 1 est identifiée comme la séquence SEQ ID N°3 et la séquence complète de l'exon 1 est identifiée comme la séquence SEQ ID N°6.

L'exon 1 contient le début de la phase ouverte de lecture du gène ABCA7 humain, le nucléotide A du codon ATG étant localisé en position 1208 des séquences SEQ ID N° 3 et 6. L'exon 1 code pour le polypeptide de séquence SEQ ID N° 7.

5 L'exon 1 est susceptible de contenir des éléments de régulation de l'expression du gène ABCA7, notamment des éléments de type enhancer amplificateur et/ou des éléments de type silencer ou répresseur.

En conséquence, un acide nucléique régulateur de la transcription selon l'invention peut également contenir, outre des fragments biologiquement actifs de la séquence SEQ ID N°1, également des fragments nucléotidiques, voire la totalité des
10 séquences SEQ ID N°2 à SEQ ID N°3 et 6.

Les séquences nucléotidiques SEQ ID N°1 à SEQ ID N°3, et 6, ainsi que leurs fragments, peuvent être notamment utilisés comme sondes ou amorces nucléotidiques pour détecter la présence d'au moins une copie du gène ABCA7 dans un échantillon, ou encore pour amplifier une séquence cible déterminée au sein de la séquence
15 régulatrice du gène ABCA7.

L'invention a donc encore pour objet un acide nucléique ayant au moins 80% d'identité en nucléotides avec un acide nucléique tel que défini ci-dessus, en particulier provenant de l'une des séquences SEQ ID N°1 à SEQ ID N°3 et 6.

L'invention concerne également un acide nucléique hybridant, dans des
20 conditions de forte stringence, avec l'un quelconque des acides nucléiques selon l'invention, en particulier un acide nucléique provenant d'une séquence choisie parmi les séquences SEQ ID N°1 à SEQ ID N°3 et 6.

L'invention a également trait à un acide nucléique tel que défini ci-dessus et caractérisé en outre en ce qu'il est capable de moduler la transcription d'un
25 polynucléotide d'intérêt placé sous son contrôle.

Selon un premier aspect, un tel acide nucléique est capable d'activer la transcription du polynucléotide d'intérêt placé sous son contrôle.

Selon un second aspect, un acide nucléique régulateur selon l'invention peut être caractérisé en ce qu'il est capable d'inhiber la transcription du polynucléotide
30 d'intérêt placé sous le contrôle de celui-ci.

Préférentiellement, un acide nucléique régulateur de la transcription selon l'invention, lorsqu'il est localisé convenablement par rapport à un polynucléotide

d'intérêt dont l'expression est recherchée, va permettre la transcription dudit polynucléotide d'intérêt, soit de manière constitutive, soit de manière inductible.

Le caractère inductible de la transcription initiée par un acide nucléique régulateur selon l'invention peut être conféré par un ou plusieurs des éléments régulateurs qu'il contient, par exemple la présence d'un ou plusieurs sites tels que
5 précédemment définis dans la séquence SEQ ID N°1 ou SEQ ID N° 2.

De plus, une expression spécifique de tissu du polynucléotide d'intérêt peut être recherchée en plaçant ce polynucléotide d'intérêt sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention capable, par exemple, d'initier la transcription de
10 ce polynucléotide d'intérêt spécifiquement dans certaines catégories de cellules, par exemple des cellules du tissu hématopoïétique, telles les leucocytes périphériques, les cellules du thymus, les cellules de la rate, et la moelle osseuse.

De manière préférée, un acide nucléique régulateur selon l'invention peut comprendre un ou plusieurs éléments régulateurs "discrets", tels que des éléments
15 enhancers et silencers. En particulier, un tel acide nucléique régulateur peut comprendre un ou plusieurs sites de fixation potentiels aux facteurs de transcription tels que définis dans la figure 2.

Un acide régulateur selon l'invention englobe également une séquence ne comprenant pas le promoteur de base, c'est-à-dire la séquence allant du nucléotide en
20 position -1 au nucléotide en position -25, par rapport au site d'initiation de la transcription.

Un tel acide nucléique régulateur comprendra alors préférentiellement un promoteur de base dit "hétérologue", c'est-à-dire un polynucléotide comprenant une boîte "TATA" et une "homéo-boîte" ne provenant pas de l'acide nucléique régulateur
25 du gène ABCA7.

Fait également partie de l'invention, un acide nucléique régulateur de la transcription comprenant tout ou partie de la séquence SEQ ID N°1 qui a été modifié, par exemple par addition, délétion ou substitution d'un ou plusieurs nucléotides. De telles modifications peuvent moduler l'activité transcriptionnelle en provoquant une
30 augmentation ou au contraire une diminution de l'activité du promoteur ou de l'élément régulateur.

Une telle modification peut également affecter la spécificité tissulaire du promoteur ou de l'élément régulateur. Ainsi, par exemple, un acide nucléique

régulateur selon l'invention peut être modifié afin de stimuler la transcription dans seulement l'un des tissus dans lequel il est naturellement exprimé.

Un acide régulateur de la transcription selon l'invention peut également être modifié et être rendu inductible par un composé particulier, par exemple en créant dans
5 la séquence un site inductible par un composé thérapeutique donné.

Les modifications dans une séquence comprenant tout ou partie de la séquence SEQ ID N°1 et comprenant le promoteur ou un élément régulateur peuvent être réalisées avec des méthodes bien connues de l'homme du métier, telle que la mutagenèse. L'activité du promoteur ou de l'élément régulateur modifié peut ensuite
10 être testée, par exemple par clonage du promoteur modifié en amont d'un gène rapporteur, en transfectant la construction d'ADN résultante dans une cellule hôte et en mesurant le niveau d'expression du gène rapporteur dans la cellule hôte transfectée. L'activité du promoteur modifié peut également être analysée *in vivo* dans des animaux transgéniques. Il est également possible de construire des banques de fragments
15 modifiés qui peuvent être criblées en utilisant des tests fonctionnels dans lesquels, par exemple, seuls les promoteurs ou les éléments régulateurs ayant l'activité désirée seront sélectionnés.

De tels essais peuvent être basés, par exemple sur l'utilisation de gènes rapporteurs conférant une résistance à des composés déterminés, par exemple à des
20 antibiotiques. La sélection de cellules ayant une construction acide nucléique régulateur/gène rapporteur et contenant un promoteur ou un élément régulateur ayant la modification recherchée peut alors être isolée par culture des cellules hôtes transformées avec une telle construction en présence du composé déterminé, par exemple de l'antibiotique déterminé.

25 Le gène rapporteur peut également coder pour toute protéine facilement détectable, par exemple une protéine optiquement détectable telle que la luciférase.

En conséquence, l'invention a également pour objet un acide nucléique comprenant:

- a) un acide nucléique régulateur de la transcription telle que définie ci-dessus;
- 30 et
- b) un polynucléotide d'intérêt codant pour un polypeptide ou un acide nucléique d'intérêt.

Selon un premier aspect, le polynucléotide d'intérêt dont la transcription est recherchée code pour une protéine ou un peptide. La protéine peut être de toute nature, par exemple une protéine d'intérêt thérapeutique, y compris des cytokines, des protéines de structure, des récepteurs ou encore des facteurs de transcription. Par exemple, dans le cas où une transcription spécifiquement dans certains tissus est recherchée, comme par exemple dans des cellules du tissu hématopoïétique, c'est à dire de la rate, de la moelle osseuse, ou dans les leucocytes périphériques, l'acide nucléique régulateur de la transcription comprendra avantageusement un acide nucléique allant du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -1111, par rapport au site d'initiation de la transcription de la séquence SEQ ID N°1 ou 2, et allant du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -1220 SEQ ID N°4 ou 5.

Dans ce cas, le polynucléotide d'intérêt codera pour un gène impliqué dans la lutte contre l'inflammation, tel qu'un récepteur aux cytokines ou encore pour une superoxyde dismutase. Si un effet antitumoral est recherché, on cherchera alors à stimuler le nombre et l'activation de lymphocytes T cytotoxiques spécifiques d'un antigène tumoral donné.

Dans un autre mode de réalisation, un acide nucléique régulateur selon l'invention sera utilisé en combinaison avec un polynucléotide d'intérêt codant pour la protéine ABCA7.

Egalement, le polynucléotide d'intérêt peut également être un oligonucléotide de type sens.

Comme déjà mentionné, le polynucléotide d'intérêt peut également produire un acide nucléique, tel qu'un acide nucléique antisens spécifique d'un gène dont on cherche à inhiber la traduction.

Selon un autre aspect, le polynucléotide d'intérêt dont la transcription est régulée par l'acide nucléique régulateur est un gène rapporteur, tel que tout gène codant pour une protéine détectable.

Parmi les gènes rapporteurs préférés, on peut citer notamment le gène de la luciférase, de la β -galactosidase (LacZ), de la chloramphénicol acétyl transférase (CAT) ou encore tout gène codant pour une protéine conférant une résistance à un composé particulier, particulièrement à un antibiotique.

VECTEURS RECOMBINANTS

Par "vecteur" au sens de la présente invention on entendra une molécule d'ADN ou d'ARN circulaire ou linéaire qui est indifféremment sous forme de simple brin ou double brin.

5 Selon un premier mode de réalisation, un vecteur recombinant selon l'invention est utilisé afin d'amplifier l'acide nucléique régulateur selon l'invention qui y est inséré après transformation ou transfection de l'hôte cellulaire désiré.

Selon un second mode de réalisation, il s'agit de vecteurs d'expression comprenant, outre un acide nucléique régulateur conforme à l'invention, des séquences
10 dont l'expression est recherchée dans une cellule hôte ou dans un organisme multicellulaire déterminé.

Selon un mode de réalisation avantageux, un vecteur recombinant selon l'invention comprendra notamment les éléments suivants :

(1) un acide nucléique régulateur selon l'invention;

15 (2) un polynucléotide d'intérêt comprenant une séquence codante comprise dans l'acide nucléique à insérer dans un tel vecteur, ladite séquence codante étant placée en phase avec les signaux de régulation décrits au (1) ; et

(3) des séquences d'initiation et d'arrêt de la transcription appropriées.

En outre, les vecteurs recombinants selon l'invention pourront inclure une ou
20 plusieurs origines de réplication chez les hôtes cellulaires dans lesquels leur amplification ou leur expression est recherchée, des marqueurs ou des marqueurs de sélection.

A titre d'exemples, les promoteurs bactériens pourront être les promoteurs LacI, LacZ, les promoteurs de l'ARN polymérase du bactériophage T3 ou T7, les
25 promoteurs PR, ou PL du phage lambda.

Les promoteurs pour cellules eucaryotes comprendront le promoteur de la thymidine kinase du virus HSV ou encore le promoteur de la métallothionéine-L de souris.

De manière générale, pour le choix d'un promoteur adapté, l'homme du métier
30 pourra avantageusement se référer à l'ouvrage de Sambrook et al. (1989) précité ou encore aux techniques décrites par Fuller et al. (1996; *Immunology in Current Protocols in Molecular Biology*).

Lorsque l'expression de la séquence génomique du gène ABCA7 sera désirée, on aura préférentiellement recours à des vecteurs capables d'inclure de grandes séquences d'insertion. Dans ce mode de réalisation particulier, on utilisera de préférence des vecteurs de bactériophages, tels que les vecteurs de bactériophage P1
5 comme le vecteur p158 ou encore le vecteur p158/neo8 décrits par Sternberg (Trends Genet., (1992) 8 : 1-16; *Mamm. Genome* (1994) 5 : 397-404).

Les vecteurs bactériens préférés selon l'invention sont par exemple les vecteurs pBR322(ATCC37017) ou encore des vecteurs tels que pAA223-3 (Pharmacia, Uppsala, Suède), et pGEM1 (Promega Biotech, Madison, WI, ETATS-UNIS).

10 On peut encore citer d'autres vecteurs commercialisés tels que les vecteurs pQE70, pQE60, pQE9 (Qiagen), psiX174, pBluescript SA, pNH8A, pNH16A, pNH18A, pNH46A, pWLNEO, pSV2CAT, pOG44, pXTI, pSG(Stratagene).

Il peut s'agir aussi du vecteur recombinant PXP1 décrit par Nordeen SK et al. (*BioTechniques*, (1988) 6 : 454-457).

15 Il peut s'agir également de vecteurs de type *Baculovirus* tels que le vecteur pVL1392/1393 (PharMingen) utilisé pour transfecter les cellules de la lignée Sf9 (ATCC N°CRL 1711) dérivées de *Spodoptera frugiperda*.

Il peut encore s'agir de vecteurs adénoviraux tels que l'adénovirus humain de type 2 ou 5.

20 Un vecteur recombinant selon l'invention peut aussi être un vecteur rétroviral ou encore un vecteur adéno-associé (AAV). De tels vecteurs adéno-associés sont par exemple décrits par Flotte et al., *Am. J. Respir., Cell Mol. Biol.* (1992) 7 : 349-356 ; Samulski et al., *J. Virol.* (1989) 63 : 3822-3828 ; MacLaughlin et al., *Am. J. Hum. Genet.* (1996) 59 : 561-569).

25 Pour permettre l'expression d'un polynucléotide d'intérêt sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, la construction polynucléotidique comprenant la séquence régulatrice et la séquence codante doit être introduite dans une cellule hôte. L'introduction d'une telle construction polynucléotidique selon l'invention dans une cellule hôte peut être réalisée *in vitro*, selon les techniques bien
30 connues de l'homme du métier pour transformer ou transfecter des cellules, soit en culture primaire, soit sous la forme de lignées cellulaires. On peut aussi réaliser

l'introduction des polynucléotides selon l'invention *in vivo* ou *ex vivo*, pour la prévention ou le traitement de maladies liées à un déficit dans le transport en protéine ABCA7.

Pour introduire les polynucléotides ou les vecteurs dans une cellule hôte, l'homme du métier pourra avantageusement se référer à différentes techniques, comme la technique de précipitation au phosphate de calcium (Graham et al., *Virology* (1973) **52** : 456-457 ; Chen et al., *Mol. Cell. Biol.* (1987) **7** : 2745-2752), le DEAE Dextran (Gopal et al., *Mol. Cell. Biol.*, (1985) **5** : 1188-1190), l'électroporation (Tur-Kaspa et al., *Mol Cel. Biol*, (1986) **6** : 716-718.; Potter et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1984), **81**(22), 7161-5), la microinjection directe (Harland et al., *J Cell Biol* (1985) **101** : 1094-1095), les liposomes chargés en ADN (Nicolau et al., *Methods Enzymol* (1987) **149** : 157-76 ; Fraley et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1979) **76** : 3348-3352).

Une fois que le polynucléotide a été introduit dans la cellule hôte, il peut être intégré de manière stable dans le génome de la cellule. L'intégration peut être réalisée à un endroit précis du génome, par recombinaison homologue, ou peut être intégré au hasard. Dans certains modes de réalisation, le polynucléotide peut être maintenu de manière stable dans la cellule hôte sous la forme d'un fragment d'épisome, l'épisome comprenant des séquences permettant le maintien et la réplication de ce dernier, soit de manière indépendante, soit de manière synchronisée avec le cycle cellulaire.

Selon un mode de réalisation particulier, une méthode pour introduire un polynucléotide selon l'invention dans une cellule hôte, en particulier une cellule hôte provenant d'un mammifère, *in vivo*, comprend une étape au cours de laquelle on introduit une préparation comprenant un vecteur d'expression pharmaceutiquement compatible et un polynucléotide "nu" selon l'invention, placé sous le contrôle de séquences de régulation appropriées, par injection locale au niveau du tissu choisi, par exemple un tissu musculaire lisse, le polynucléotide "nu" étant absorbé par les cellules de ce tissu.

Des compositions pour l'utilisation *in vitro* et *in vivo* comprenant des polynucléotides "nus" sont par exemples décrites dans la demande PCT N° WO 95/11307 ainsi que dans les articles de Tacson et al. (*Nature Med.* (1996) **2**(8), 888-892) et de Huygen et al., (*Nat. Med.* (1996) **2**(8), 893-898).

Selon un mode de réalisation spécifique de l'invention, il est fourni une composition pour la production *in vivo* d'une protéine d'intérêt. Cette composition

comprend un polynucléotide codant pour le polypeptide d'intérêt placé sous le contrôle d'une séquence régulatrice selon l'invention, en solution dans un vecteur physiologiquement acceptable.

La quantité de vecteur qui est injectée à l'organisme hôte choisi varie selon le site de l'injection. A titre indicatif, il peut être injecté entre environ 0,1 et environ 100 µg de la construction polynucléotidique séquence régulatrice/séquence codante dans le corps d'un animal.

Lorsque l'acide nucléique régulateur selon l'invention est localisé, sur la construction polynucléotidique (ou vecteur), de telle manière à contrôler la transcription d'une séquence comprenant un cadre de lecture ouvert codant la protéine ABCA7, le vecteur est injecté de préférence dans le corps d'un patient susceptible de développer une maladie liée à un déficit en protéine ABCA7.

En conséquence, l'invention concerne également une composition pharmaceutique destinée à la prévention ou au traitement de sujets affectés d'un dysfonctionnement de la protéine ABCA7, comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et un polynucléotide d'intérêt codant pour la protéine ABCA7, en association avec un ou plusieurs excipients physiologiquement compatibles.

Avantageusement, une telle composition comprendra l'acide nucléique régulateur défini par l'une des séquences SEQ ID N°1 ou 2, et SEQ ID N°4 ou 5, ou un fragment biologiquement actif de cet acide nucléique régulateur.

L'invention a en outre pour objet une composition pharmaceutique destinée à la prévention ou au traitement de sujets affectés d'un dysfonctionnement dans le métabolisme des lipides, comprenant un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus, en association avec un ou plusieurs excipients physiologiquement compatibles.

L'invention a également pour objet une composition pharmaceutique destinée à la prévention ou au traitement de sujets affectés d'un dysfonctionnement des processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation, comprenant un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus, en association avec un ou plusieurs excipients physiologiquement compatibles.

L'invention est également relative à l'utilisation d'une construction polynucléotidique conforme à l'invention et comprenant un acide nucléique régulateur du gène ABCA7 ainsi qu'une séquence codant pour la protéine ABCA7, pour la fabrication d'un médicament destiné à la prévention ou au traitement de sujets affectés

d'un dysfonctionnement du métabolisme des lipides ou d'un problème d'origine immunologique ou encore d'origine inflammatoire.

L'invention a également trait à l'utilisation d'un vecteur recombinant selon l'invention, comprenant, outre un acide nucléique régulateur de l'invention, un acide nucléique codant pour la protéine ABCA7, pour la fabrication d'un médicament destiné à la prévention ou au traitement de sujets affectés d'un dysfonctionnement des processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

Vecteurs utiles dans des procédés de thérapie génique et compositions contenant de tels vecteurs

La présente invention concerne aussi une nouvelle approche thérapeutique pour le traitement et/ou la prévention des pathologies liées au métabolisme des lipides ainsi que pour le traitement et/ou la prévention des pathologies liées au dysfonctionnement des mécanismes de médiation lymphocytaire de l'inflammation. Elle propose une solution avantageuse aux inconvénients de l'art antérieur, en démontrant la possibilité de traiter les pathologies, notamment des pathologies liées à un dysfonctionnement du métabolisme des lipides dans les tissus myélo-lymphatiques, par la thérapie génique, par le transfert et l'expression *in vivo* d'une construction polynucléotidique comprenant, outre un acide nucléique régulateur selon l'invention, une séquence codant pour une protéine ABCA7 qui est fortement présumée comme étant impliquée dans le transport et/ou le métabolisme des lipides. L'invention offre ainsi un moyen simple permettant un traitement spécifique et efficace des sujets affectés d'un dysfonctionnement des processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

La thérapie génique consiste à corriger une déficience ou une anomalie (mutation, expression aberrante, etc.) ou à assurer l'expression d'une protéine d'intérêt thérapeutique par introduction d'une information génétique dans la cellule ou l'organe affecté. Cette information génétique peut être introduite soit *ex vivo* dans une cellule extraite de l'organe, la cellule modifiée étant alors réintroduite dans l'organisme, soit directement *in vivo* dans le tissu approprié. Dans ce second cas, différentes techniques existent, parmi lesquelles des techniques diverses de transfection impliquant des complexes d'ADN et de DEAE-dextran (Pagano et al., J.Virol. 1 (1967) 891), d'ADN et

de protéines nucléaires (Kaneda et al., Science 243 (1989) 375), d'ADN et de lipides (Felgner et al., PNAS 84 (1987) 7413), l'emploi de liposomes (Fraley et al., J.Biol.Chem. 255 (1980) 10431), etc. Plus récemment, l'emploi de virus comme vecteurs pour le transfert de gènes est apparu comme une alternative prometteuse à ces techniques physiques de transfection. A cet égard, différents virus ont été testés pour leur capacité à infecter certaines populations cellulaires. En particulier, les rétrovirus (RSV, HMS, MMS, etc.), le virus HSV, les virus adéno-associés, et les adénovirus.

La présente invention est donc également relative à une nouvelle approche thérapeutique pour le traitement des pathologies liées au transport des lipides, consistant à transférer et à exprimer *in vivo* des gènes codant pour ABCA7 placés sous le contrôle d'un acide régulateur selon l'invention. Il est particulièrement avantageux de construire des virus recombinants contenant une séquence d'ADN comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et une séquence codant pour une protéine ABCA7 impliquée dans le métabolisme de lipides, d'administrer ces virus recombinants *in vivo*, et que cette administration permette une expression stable et efficace d'une protéine ABCA7 biologiquement active *in vivo*, et sans effet cytopathologique.

Les adénovirus constituent des vecteurs particulièrement efficaces pour le transfert et l'expression du gène ABCA7. En particulier, l'utilisation d'adénovirus recombinants comme vecteurs permet d'obtenir des niveaux d'expression suffisamment élevés du gène d'intérêt pour produire l'effet thérapeutique recherché. D'autres vecteurs viraux, tels que les rétrovirus ou les virus adéno-associés (AAV), permettant une expression stable du gène sont aussi revendiqués.

La présente invention offre ainsi une nouvelle approche pour le traitement et la prévention des pathologies liées à des dysfonctionnements dans le métabolisme des lipides et dans les voies de signalisation de l'inflammation par les lymphocytes.

L'invention a donc aussi pour objet un virus recombinant défectif comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et une séquence nucléique codant pour une protéine ABCA7 impliquée dans le métabolisme des lipides ou dans les processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

L'invention a également trait à l'utilisation d'un tel virus recombinant défectif pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement et/ou à la

prévention des dysfonctionnements de la signalisation de l'inflammation par les lymphocytes.

La présente invention concerne également l'utilisation de cellules modifiées génétiquement ex vivo par un virus tel que décrit ci-dessus, ou de cellules productrices
5 de tels virus, implantées dans l'organisme, permettant une expression in vivo prolongée et efficace d'une protéine ABCA7 biologiquement active.

La présente invention montre qu'il est possible d'incorporer une séquence d'ADN codant pour ABCA7 dans le contrôle d'un acide nucléique régulateur tel que défini ci-dessus dans un vecteur viral, et que ces vecteurs permettent d'exprimer
10 efficacement une forme mature, biologiquement active. Plus particulièrement, l'invention montre que l'expression in vivo de ABCA7 peut être obtenue par administration directe d'un adénovirus ou par implantation d'une cellule productrice ou génétiquement modifiée par un adénovirus ou par un rétrovirus incorporant un tel ADN.

La présente invention est particulièrement avantageuse, car elle permet
15 d'induire une expression contrôlée et sans effet nocif de ABCA7 dans des organes qui ne sont pas normalement concernés par l'expression de cette protéine. En particulier, une libération significative de la protéine ABCA7 est obtenue par implantation de cellules productrices de vecteurs de l'invention, ou infectées ex vivo par des vecteurs de l'invention.

20 L'activité de médiateur dans le métabolisme des lipides produit dans le cadre de la présente invention peut être du type ABCA7 humaine ou animale. La séquence nucléique utilisée dans le cadre de la présente invention peut être un ADNc, un ADN génomique (ADNg), un ARN (dans le cas des rétrovirus) ou une construction hybride consistant par exemple en un ADNc dans lequel seraient insérés un ou plusieurs
25 introns. Il peut également s'agir de séquences synthétiques ou semi-synthétiques. De manière particulièrement avantageuse, on utilise un ADNc ou un ADNg. En particulier, l'utilisation d'un ADNg permet une meilleure expression dans les cellules humaines. Pour permettre leur incorporation dans un vecteur viral selon l'invention, ces séquences sont avantageusement modifiées, par exemple par mutagenèse dirigée, en particulier
30 pour l'insertion de sites de restriction appropriés. Les séquences décrites dans l'art antérieur ne sont en effet pas construites pour une utilisation selon l'invention, et des adaptations préalables peuvent s'avérer nécessaires, pour obtenir des expressions importantes. Dans le cadre de la présente invention, on préfère utiliser une séquence

nucléique codant pour une protéine ABCA7 humaine. Par ailleurs, il est également possible d'utiliser une construction codant pour un dérivé de ces protéines ABCA7. Un dérivé de ces protéines ABCA7 comprend par exemple toute séquence obtenue par mutation, délétion et/ou addition par rapport à la séquence native, et codant pour un
5 produit conservant l'activité de médiateur du métabolisme des lipides. Ces modifications peuvent être réalisées par les techniques connues de l'homme du métier (voir techniques générales de biologie moléculaire ci-après). L'activité biologique des dérivés ainsi obtenus peut ensuite être aisément déterminée, comme indiqué notamment dans les exemples décrivant la mesure de l'efflux de lipides à partir des
10 cellules. Les dérivés au sens de l'invention peuvent également être obtenus par hybridation à partir de banques d'acides nucléiques, en utilisant comme sonde la séquence native ou un fragment de celle-ci.

Ces dérivés sont notamment des molécules ayant une plus grande affinité pour leurs sites de fixation, des molécules présentant une plus grande résistance aux
15 protéases, des molécules ayant une efficacité thérapeutique plus grande ou des effets secondaires moindres, ou éventuellement ayant de nouvelles propriétés biologiques. Les dérivés incluent également les séquences d'ADN modifiées permettant une expression améliorée in vivo.

Dans un premier mode de réalisation, la présente invention concerne un virus
20 recombinant défectif comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et une séquence d'ADNc codant pour une protéine ABCA7 impliquée dans le transport et le métabolisme du cholestérol. Dans un autre mode de réalisation préféré de l'invention, la séquence d'ADN est une séquence d'ADNg. La séquence d'ADNc codant pour la protéine ABCA7, et utilisable dans un vecteur selon l'invention est avantageusement la
25 séquence SEQ ID N°8.

Les vecteurs de l'invention peuvent être préparés à partir de différents types de virus. Préférentiellement, on utilise des vecteurs dérivés des adénovirus, des virus adéno-associés (AAV), des virus de l'herpès (HSV) ou des rétrovirus. Il est tout particulièrement avantageux d'utiliser un adénovirus, pour une administration directe ou
30 pour la modification ex vivo de cellules destinées à être implantées, ou un rétrovirus, pour l'implantation de cellules productrices.

Les virus selon l'invention sont défectifs, c'est-à-dire qu'ils sont incapables de se répliquer de façon autonome dans la cellule cible. Généralement, le génome des

virus défectifs utilisés dans le cadre de la présente invention est donc dépourvu au moins des séquences nécessaires à la réplication dudit virus dans la cellule infectée. Ces régions peuvent être soit éliminées (en tout ou en partie), soit rendues non-fonctionnelles, soit substituées par d'autres séquences et notamment par la séquence
5 nucléique codant pour la protéine ABCA7. Préférentiellement, le virus défectif conserve néanmoins les séquences de son génome qui sont nécessaires à l'encapsidation des particules virales.

S'agissant plus particulièrement d'adénovirus, différents sérotypes, dont la structure et les propriétés varient quelque peu, ont été caractérisés. Parmi ces
10 sérotypes, on préfère utiliser dans le cadre de la présente invention les adénovirus humains de type 2 ou 5 (Ad 2 ou Ad 5) ou les adénovirus d'origine animale (voir demande WO 94/26914). Parmi les adénovirus d'origine animale utilisables dans le cadre de la présente invention on peut citer les adénovirus d'origine canine, bovine, murine, (exemple : Mav1, Beard et al., Virology 75 (1990) 81), ovine, porcine, aviaire ou
15 encore simienne (exemple : SAV). De préférence, l'adénovirus d'origine animale est un adénovirus canin, plus préférentiellement un adénovirus CAV2 [souche Manhattan ou A26/61 (ATCC VR-800) par exemple]. De préférence, on utilise dans le cadre de l'invention des adénovirus d'origine humaine ou canine ou mixte. Préférentiellement, les adénovirus défectifs de l'invention comprennent les ITR, une séquence permettant
20 l'encapsidation et la séquence codant pour la protéine ABCA7 placée sous le contrôle d'un acide nucléique selon l'invention. Avantagusement, dans le génome des adénovirus de l'invention, la région E1 au moins est rendue non fonctionnelle. Encore plus préférentiellement, dans le génome des adénovirus de l'invention, le gène E1 et au moins l'un des gènes E2, E4, L1-L5 sont non fonctionnels. Le gène viral considéré peut
25 être rendu non fonctionnel par toute technique connue de l'homme du métier, et notamment par suppression totale, substitution, délétion partielle, ou addition d'une ou plusieurs bases dans le ou les gènes considérés. De telles modifications peuvent être obtenues in vitro (sur de l'ADN isolé) ou in situ, par exemple, au moyens des techniques du génie génétique, ou encore par traitement au moyen d'agents
30 mutagènes. D'autres régions peuvent également être modifiées, et notamment la région E3 (WO 95/02697), E2 (WO 94/28938), E4 (WO 94/28152, WO 94/12649, WO 95/02697) et L5 (WO 95/02697). Selon un mode préféré de mise en œuvre, l'adénovirus selon l'invention comprend une délétion dans les régions E1 et E4 et la

séquence codant pour ABCA7 est insérée au niveau de la région E1 inactivée. Selon un autre mode de réalisation préféré, il comprend une délétion dans la région E1 au niveau de laquelle sont insérés la région E4 et la séquence codant pour ABCA7 (Demande de brevet Français FR 94 13355).

5 Les adénovirus recombinants défectifs selon l'invention peuvent être préparés par toute technique connue de l'homme du métier (Levrero et al., *Gene* (1991) **101**: 195, EP 185 573; Graham, *EMBO J.* (1984) **3**: 2917). En particulier, ils peuvent être préparés par recombinaison homologue entre un adénovirus et un plasmide portant entre autre la séquence d'ADN codant pour la protéine ABCA7. La recombinaison
10 homologue se produit après co-transfection desdits adénovirus et plasmide dans une lignée cellulaire appropriée. La lignée cellulaire utilisée doit de préférence (i) être transformable par lesdits éléments, et (ii), comporter les séquences capables de compléter la partie du génome de l'adénovirus défectif, de préférence sous forme intégrée pour éviter les risques de recombinaison. A titre d'exemple de lignée, on peut
15 mentionner la lignée de rein embryonnaire humain 293 (Graham et al., *J. Gen. Virol.* (1977) **36** :59) qui contient notamment, intégrée dans son génome, la partie gauche du génome d'un adénovirus Ad5 (12 %) ou des lignées capables de compléter les fonctions E1 et E4 telles que décrites notamment dans les demandes n° WO 94/26914 et WO 95/02697.

20 Ensuite, les adénovirus qui se sont multipliés sont récupérés et purifiés selon les techniques classiques de biologie moléculaire, comme illustré dans les exemples.

Concernant les virus adéno-associés (AAV), il s'agit de virus à ADN de taille relativement réduite, qui s'intègrent dans le génome des cellules qu'ils infectent, de manière stable et site-spécifique. Ils sont capables d'infecter un large spectre de
25 cellules, sans induire d'effet sur la croissance, la morphologie ou la différenciation cellulaires. Par ailleurs, ils ne semblent pas impliqués dans des pathologies chez l'homme. Le génome des AAV a été cloné, séquencé et caractérisé. Il comprend environ 4700 bases, et contient à chaque extrémité une région répétée inversée (ITR) de 145 bases environ, servant d'origine de réplication pour le virus. Le reste du génome
30 est divisé en 2 régions essentielles portant les fonctions d'encapsidation : la partie gauche du génome, qui contient le gène rep impliqué dans la réplication virale et l'expression des gènes viraux; la partie droite du génome, qui contient le gène cap codant pour les protéines de capsid du virus.

L'utilisation de vecteurs dérivés des AAV pour le transfert de gènes in vitro et in vivo a été décrite dans la littérature (voir notamment WO 91/18088; WO 93/09239; US 4,797,368, US 5,139,941, EP 488 528). Ces documents décrivent différentes constructions dérivées des AAV, dans lesquelles les gènes rep et/ou cap sont délétés et remplacés par un gène d'intérêt, et leur utilisation pour transférer in vitro (sur cellules en culture) ou in vivo (directement dans un organisme) ledit gène d'intérêt. Toutefois, aucun de ces documents ne décrit ni ne suggère l'utilisation d'un AAV recombinant pour le transfert et l'expression in vivo ou ex vivo d'une protéine ABCA7, ni les avantages d'un tel transfert. Les AAV recombinants défectifs selon l'invention peuvent être préparés par co-transfection, dans une lignée cellulaire infectée par un virus auxiliaire humain (par exemple un adénovirus), d'un plasmide contenant la séquence codant pour la protéine ABCA7 bordée de deux régions répétées inversées (ITR) d'AAV, et d'un plasmide portant les gènes d'encapsidation (gènes rep et cap) d'AAV. Les AAV recombinants produits sont ensuite purifiés par des techniques classiques.

Concernant les virus de l'herpès et les rétrovirus, la construction de vecteurs recombinants a été largement décrite dans la littérature : voir notamment Breakfield et al.; (New Biologist 3 (1991) 203); EP 453242, EP 178220, Bernstein et al. (Genet. Eng. 7 (1985) 235); McCormick, (BioTechnology 3 (1985) 689), etc.

En particulier, les rétrovirus sont des virus intégratifs, infectant les cellules en division. Le génome des rétrovirus comprend essentiellement deux LTR, une séquence d'encapsidation et trois régions codantes (gag, pol et env). Dans les vecteurs recombinants dérivés des rétrovirus, les gènes gag, pol et env sont généralement délétés, en tout ou en partie, et remplacés par une séquence d'acide nucléique hétérologue d'intérêt. Ces vecteurs peuvent être réalisés à partir de différents types de rétrovirus tels que notamment le MoMuLV ("murine moloney leukemia virus"; encore désigné MoMLV), le MSV ("murine moloney sarcoma virus"), le HaSV ("harvey sarcoma virus"); le SNV ("spleen necrosis virus"); le RSV ("roux sarcoma virus") ou encore le virus de Friend.

Pour construire des rétrovirus recombinants comportant une séquence codant pour la protéine ABCA7 placée sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, un plasmide comportant notamment les LTR, la séquence d'encapsidation et ladite séquence codante est généralement construit, puis utilisé pour transfecter une lignée cellulaire dite d'encapsidation, capable d'apporter en trans les fonctions

rétrovirales déficientes dans le plasmide. Généralement, les lignées d'encapsidation sont donc capables d'exprimer les gènes gag, pol et env. De telles lignées d'encapsidation ont été décrites dans l'art antérieur, et notamment la lignée PA317 (US 4,861,719); la lignée PsiCRIP (WO 90/02806) et la lignée GP+envAm-12 (WO 89/07150). Par ailleurs, les rétrovirus recombinants peuvent comporter des modifications au niveau des LTR pour supprimer l'activité transcriptionnelle, ainsi que des séquences d'encapsidation étendues, comportant une partie du gène gag (Bender et al., J. Virol. 61 (1987) 1639). Les rétrovirus recombinants produits sont ensuite purifiés par des techniques classiques.

10 Pour la mise en œuvre de la présente invention, il est tout particulièrement avantageux d'utiliser un adénovirus recombinant défectif. Les résultats donnés ci-après démontrent en effet les propriétés particulièrement intéressantes des adénovirus pour l'expression in vivo d'une protéine ayant une activité de médiateur du métabolisme des lipides. Les vecteurs adénoviraux selon l'invention sont particulièrement avantageux pour une administration directe in vivo d'une suspension purifiée, ou pour la transformation ex vivo de cellules, notamment autologues, en vue de leur implantation. De plus, les vecteurs adénoviraux selon l'invention présentent en outre des avantages importants, tels que notamment leur très haute efficacité d'infection, permettant de réaliser des infections à partir de faibles volumes de suspension virale.

20 Selon un autre mode particulièrement avantageux de mise en œuvre de l'invention, on utilise une lignée productrice de vecteurs rétroviraux contenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et la séquence codant pour la protéine ABCA7, pour une implantation in vivo. Les lignées utilisables à cet effet sont notamment les cellules PA317 (US 4,861,719), PsiCrip (WO 90/02806) et GP+envAm-12 (US 5,278,056), modifiées pour permettre la production d'un rétrovirus contenant une séquence nucléique codant pour une protéine ABCA7 selon l'invention. Par exemple des cellules souches totipotentes, précurseurs des lignées cellulaires sanguines, peuvent être prélevées et isolées chez le sujet. Ces cellules mises en culture peuvent être alors transfectées par le vecteur rétroviral contenant la séquence codant pour la protéine ABCA7 sous le contrôle de son propre promoteur. Ces cellules sont alors réintroduites chez le sujet. La différenciation de ces cellules sera à l'origine de cellules du tissu hématopoïétique exprimant la protéine ABCA7, notamment des lymphocytes T qui, participent à la signalisation de l'inflammation.

Avantageusement, dans les vecteurs de l'invention, la séquence codant pour la protéine ABCA7 est placée sous le contrôle d'un acide régulateur selon l'invention comprenant les éléments régulateurs permettant son expression dans les cellules infectées, et tout particulièrement les éléments régulateurs de type NFkappaB, CEBP, et GFI1.

Comme indiqué ci-avant, la présente invention concerne également toute utilisation d'un virus tel que décrit ci-dessus pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement et/ou à la prévention des pathologies liées au métabolisme des lipides ou encore au dysfonctionnement lié aux processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

La présente invention concerne également une composition pharmaceutique comprenant un ou plusieurs virus recombinants défectifs tels que décrits précédemment. Ces compositions pharmaceutiques peuvent être formulées en vue d'administrations par voie topique, orale, parentérale, intranasale, intraveineuse, intramusculaire, sous-cutanée, intra-oculaire, transdermique, etc. De préférence, les compositions pharmaceutiques de l'invention contiennent un véhicule pharmaceutiquement acceptable pour une formulation injectable, notamment pour une injection intraveineuse, telle que par exemple dans la veine porte du patient. Il peut s'agir en particulier de solutions stériles, isotoniques, ou de compositions sèches, notamment lyophilisées, qui, par addition selon le cas d'eau stérilisée ou de sérum physiologique, permettent la constitution de solutés injectables. L'injection directe dans la veine porte du patient est avantageuse car elle permet de cibler l'infection au niveau du foie et ainsi, de concentrer l'effet thérapeutique au niveau de cet organe.

Les doses de virus recombinant défectif utilisées pour l'injection peuvent être adaptées en fonction de différents paramètres, et notamment en fonction du vecteur viral, du mode d'administration utilisé, de la pathologie concernée ou encore de la durée du traitement recherchée. D'une manière générale, les adénovirus recombinants selon l'invention sont formulés et administrés sous forme de doses comprises entre 10^4 et 10^{14} pfu/ml, et de préférence 10^6 à 10^{10} pfu/ml. Le terme pfu ("plaque forming unit") correspond au pouvoir infectieux d'une solution de virus, et est déterminé par infection d'une culture cellulaire appropriée, et mesure, généralement après 48 heures, du nombre de plages de cellules infectées. Les techniques de détermination du titre pfu d'une solution virale sont bien documentées dans la littérature.

Concernant les rétrovirus, les compositions selon l'invention peuvent comporter directement les cellules productrices, en vue de leur implantation.

A cet égard, un autre objet de l'invention concerne toute cellule de mammifère infectée par un ou plusieurs virus recombinants défectifs tels que décrits ci-dessus.

5 Plus particulièrement, l'invention concerne toute population de cellules humaines infectées par ces virus. Il peut s'agir en particulier de cellules d'origine sanguine (cellules souches totipotentes ou précurseurs), fibroblastes, myoblastes, hépatocytes, kératinocytes, cellules musculaires lisses et endothéliales, cellules gliales, etc.

Les cellules selon l'invention peuvent être issues de cultures primaires. Celles-ci peuvent être prélevées par toute technique connue de l'homme du métier, puis mises en culture dans des conditions permettant leur prolifération. S'agissant plus particulièrement de fibroblastes, ceux-ci peuvent être aisément obtenus à partir de biopsies, par exemple selon la technique décrite par Ham (*Methods Cell Biol* (1980) 21a: 255). Ces cellules peuvent être utilisées directement pour l'infection par les virus, 15 ou conservées, par exemple par congélation, pour l'établissement de banques autologues, en vue d'une utilisation ultérieure. Les cellules selon l'invention peuvent également être des cultures secondaires, obtenues par exemple à partir de banques préétablies (voir par exemple EP 228458, EP 289034, EP 400047, EP 456640).

Les cellules en culture sont ensuite infectées par les virus recombinants, pour 20 leur conférer la capacité de produire une protéine ABCA7 biologiquement active. L'infection est réalisée in vitro selon des techniques connues de l'homme du métier. En particulier, selon le type de cellules utilisé et le nombre de copies de virus par cellule désiré, l'homme du métier peut adapter la multiplicité d'infections et éventuellement le nombre de cycles d'infections réalisé. Il est bien entendu que ces étapes doivent être effectuées dans des conditions de stérilité appropriées lorsque les cellules sont 25 destinées à une administration in vivo. Les doses de virus recombinant utilisées pour l'infection des cellules peuvent être adaptées par l'homme du métier selon le but recherché. Les conditions décrites ci-avant pour l'administration in vivo peuvent être appliquées à l'infection in vitro. Pour l'infection par des rétrovirus, il est également possible de co-cultiver les cellules que l'on désire infecter avec des cellules 30 productrices des rétrovirus recombinants selon l'invention. Ceci permet de s'affranchir de la purification des rétrovirus.

Un autre objet de l'invention concerne un implant comprenant des cellules de mammifères infectées par un ou plusieurs virus recombinants défectifs telles que décrites ci-dessus ou des cellules productrices de virus recombinants, et une matrice extracellulaire. Préférentiellement, les implants selon l'invention comprennent 10^5 à 10^{10} cellules. Plus préférentiellement, ils en comprennent 10^6 à 10^8 .

Plus particulièrement, dans les implants de l'invention, la matrice extracellulaire comprend un composé gélifiant et éventuellement un support permettant l'ancrage des cellules.

Pour la préparation des implants selon l'invention, différents types de gélifiants peuvent être employés. Les gélifiants sont utilisés pour l'inclusion des cellules dans une matrice ayant la constitution d'un gel, et pour favoriser l'ancrage des cellules sur le support, le cas échéant. Différents agents d'adhésion cellulaire peuvent donc être utilisés comme gélifiants, tels que notamment le collagène, la gélatine, les glycosaminoglycans, la fibronectine, les lectines, etc. De préférence, on utilise dans le cadre de la présente invention du collagène. Il peut s'agir de collagène d'origine humaine, bovine ou murine. Plus préférentiellement, on utilise du collagène de type I.

Comme indiqué ci avant, les compositions selon l'invention comprennent avantageusement un support permettant l'ancrage des cellules. Le terme ancrage désigne toute forme d'interaction biologique et/ou chimique et/ou physique entraînant l'adhésion et/ou la fixation des cellules sur le support. Par ailleurs, les cellules peuvent soit recouvrir le support utilisé, soit pénétrer à l'intérieur de ce support, soit les deux. On préfère utiliser dans le cadre de l'invention un support solide, non toxique et/ou bio-compatible. En particulier, on peut utiliser des fibres de polytétrafluoroéthylène (PTFE) ou un support d'origine biologique.

La présente invention offre ainsi un moyen très efficace pour le traitement ou la prévention des pathologies liées au transport du cholestérol, en particulier l'obésité, l'hypertriglycémie, ou, dans le domaine des affections cardio-vasculaires, l'infarctus du myocarde, l'angor, la mort subite, la décompensation cardiaque et les accidents cérébro-vasculaires.

En outre, ce traitement peut concerner aussi bien l'homme que tout animal tel que les ovins, les bovins, les animaux domestiques (chiens, chats, etc.), les chevaux, les poissons, etc.

CELLULES HOTES RECOMBINANTES

L'invention concerne aussi une cellule hôte recombinante comprenant l'un quelconque des acides nucléiques de l'invention de séquence SEQ ID N° 1 à SEQ ID N°6, et plus particulièrement un acide nucléique de séquence SEQ ID NO 1 à SEQ ID N°3.

Selon un autre aspect, l'invention est également relative à une cellule hôte recombinante comprenant un vecteur recombinant tel que ci-dessus décrit.

Les cellules hôtes préférées selon l'invention sont par exemple les suivantes :

a) cellules hôtes procaryotes: souches d'*Escherichia coli* (souche DH5- α), de *Bacillus subtilis*, de *Salmonella typhimurium*, ou encore des souches d'espèces telles que *Pseudomonas*, *Streptomyces* et *Staphylococcus* ;

b) cellules hôtes eucaryotes: cellules HeLa (ATCC N°CCL2), cellules Cv 1 (ATCC N°CCL70), cellules COS (ATCC N°CRL 1650), cellules Sf-9 (ATCC N°CRL 1711), cellules CHO (ATCC N°CCL-61) ou encore cellules 3T3 (ATCC N°CRL-6361), ou encore les cellules de la lignée Hepa1-6 référencées à l'American Type Culture Collection (ATCC, Rockville, MD, Etats-Unis d'Amérique).

c) les cellules en culture primaire provenant d'un individu chez lequel l'expression d'un acide nucléique d'intérêt placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention est recherchée.

d) Les cellules à multiplication indéfinie (lignées cellulaires) obtenues à partir des cellules en culture primaire du c) ci-dessus, selon des techniques bien connues de l'homme du métier.

PROCEDES DE CRIBLAGE

Procédé de criblage *in vitro*.

L'invention fournit des procédés pour traiter un sujet affecté d'une pathologie liée au niveau d'expression de la protéine ABCA7. En particulier, une telle méthode de traitement consiste à administrer au sujet un composé modulant l'expression du gène

ABCA7, qui peut être identifié selon divers procédés de criblage in vitro tels que définis ci-après.

Une première méthode consiste à identifier des composés modulant l'expression du gène ABCA7. Selon une telle méthode, des cellules exprimant le gène ABCA7 sont incubées avec une substance ou molécule candidate à tester et le niveau
5 d'expression de l'ARN messager de ABCA7 ou encore le niveau de production de la protéine ABCA7 est ensuite déterminé.

Les niveaux d'ARN messager de ABCA7 peuvent être déterminés par hybridation sur gel de type Northern, bien connu de l'homme du métier. Les niveaux
10 d'ARN messager de ABCA7 peuvent également être déterminés par des procédés mettant en oeuvre la PCR ou encore la technique décrite par WEBB et al. (*Journal of Biomolecular Screening* (1996), vol. 1: 119).

Les niveaux de production de la protéine ABCA7 peuvent être déterminés par immunoprécipitation ou immunochimie en utilisant un anticorps qui reconnaît
15 spécifiquement la protéine ABCA7.

Selon une autre méthode de criblage d'une molécule ou substance candidate modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, une construction nucléotidique telle que définie ci-dessus, comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention ainsi qu'un polynucléotide rapporteur placé sous le contrôle de l'acide
20 nucléique régulateur, est utilisée, ledit acide nucléique régulateur comprenant au moins un promoteur de base et au moins un élément régulateur de l'une des séquences SEQ ID N°1 à SEQ ID N°3. Le polynucléotide rapporteur peut être un gène codant pour une protéine détectable, tel qu'un gène codant pour une luciférase.

Selon un tel procédé de criblage, les cellules sont transfectées avec la
25 construction polynucléotidique contenant l'acide nucléique régulateur selon l'invention et le polynucléotide rapporteur, de manière stable ou transitoire.

Les cellules transformées sont ensuite incubées en présence ou en l'absence de la molécule ou de la substance candidate à tester pendant un temps suffisant, puis le niveau d'expression du gène rapporteur est déterminé. Les composés qui induisent
30 un changement statistiquement significatif de l'expression du gène rapporteur (soit une augmentation, soit au contraire une diminution de l'expression du gène rapporteur) sont ensuite identifiés et, le cas échéant, sélectionnés.

Ainsi, l'invention a encore pour objet un procédé pour le criblage in vitro d'une molécule ou d'une substance modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, notamment modulant la transcription du polynucléotide rapporteur constitutif d'une construction polynucléotidique selon l'invention, caractérisé en ce qu'il comporte les étapes consistant à :

a) mettre en culture une cellule hôte recombinante comprenant un polynucléotide d'intérêt placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention;

b) incuber la cellule hôte recombinante avec la substance ou molécule à tester;

c) détecter l'expression du polynucléotide d'intérêt;

d) comparer les résultats obtenus à l'étape c) avec les résultats obtenus lorsque la cellule hôte recombinante est mise en culture en l'absence de la molécule ou substance candidate à tester.

L'invention concerne aussi un kit ou nécessaire pour le criblage in vitro d'une molécule ou d'une substance candidate capable de moduler l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, comprenant:

a) une cellule hôte transformée avec une construction polynucléotidique telle que définie ci-dessus, comprenant un polynucléotide rapporteur d'intérêt placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention; et

b) le cas échéant, des moyens de détection de l'expression du polynucléotide rapporteur d'intérêt.

De préférence, le polynucléotide rapporteur d'intérêt est la séquence codante d'une luciférase. Dans ce cas, l'acide nucléique régulateur selon l'invention est inséré dans un vecteur, en amont de la séquence codant pour la luciférase. Il peut s'agir par exemple du vecteur pGL3-basic (pGL3-b) commercialisé par la Société PROMEGA (Madison, Wisconsin, Etats-Unis).

Dans ce cas, le vecteur recombinant comprenant la séquence codante de la luciférase placée sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention est transfecté dans les cellules hôtes recombinantes dont l'activité luciférase est ensuite déterminée après mise en culture en présence ou non de la substance ou de la molécule candidate à tester.

On peut dans ce cas utiliser comme témoins des vecteurs pGL3-b contenant soit le promoteur du cytomégalo virus (CMV), le promoteur ApoAI ou encore aucun promoteur. Pour le test d'activité luciférase, les cellules transfectées sont lavées avec un tampon PBS et lysées avec 500 µl de tampon de lyse (50 mM tris, 150 mM NaCl, 0,02% d'azide de sodium, 1% de NP-40, 100 µg/ml de AEBSF et 5 µg/ml de leupeptine).

50 µl du lysat cellulaire obtenu sont ensuite ajoutés à 100 µl du substrat de la luciférase (Promega) et les mesures d'activité sont réalisées sur un lecteur spectrophotométrique de microplaque, 5 minutes après l'addition du lysat cellulaire.

Les données sont exprimées en unités relatives d'activité luciférase. Les constructions polynucléotidiques produisant de hauts niveaux d'activité luciférase dans les cellules transfectées sont celles qui contiennent un acide nucléique régulateur selon l'invention compris dans la séquence SEQ ID N°1 qui est capable de stimuler la transcription.

Pour les mesures des niveaux d'expression d'ARN messenger dans un procédé de criblage selon l'invention, on prépare tout d'abord des sondes spécifiques de l'ARN messenger du polynucléotide rapporteur d'intérêt, par exemple à l'aide du kit multiprime labeling kit (commercialisé par la Société Amersham Life Sciences, Cleveland, Ohio, Etats-Unis).

20

PROCEDE DE CRIBLAGE IN VIVO

Selon un autre aspect de l'invention, des compositions modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention peuvent être identifiées in vivo, dans des animaux transgéniques non humains.

25 Selon une telle méthode, un animal transgénique non humain, par exemple une souris, est traité avec une molécule ou une substance candidate à tester, par exemple une substance ou molécule candidate auparavant sélectionnée par un procédé de criblage in vitro tel que défini ci-dessus.

Après une durée déterminée, le niveau d'activité de l'acide nucléique régulateur selon l'invention est déterminé et comparé à l'activité d'un animal transgénique non humain identique, par exemple une souris transgénique identique, qui n'a pas reçu la molécule ou la substance candidate.

30

L'activité de l'acide nucléique régulateur selon l'invention fonctionnel dans l'animal transgénique peut être déterminée par diverses méthodes, par exemple la mesure des niveaux d'ARN messager correspondant aux polynucléotides rapporteurs d'intérêt placés sous le contrôle dudit acide nucléique régulateur par hybridation de
5 type Northern, ou encore par hybridation *in situ*. ou encore par imagerie biophotonique non invasive (Xenogen Corporation).

Selon une alternative, l'activité de l'acide nucléique régulateur selon l'invention peut être déterminée en mesurant les niveaux d'expression de protéine codée par les polynucléotides rapporteurs d'intérêt, par exemple par immunohistochimie, dans le cas
10 où le polynucléotide rapporteur d'intérêt comprend un cadre de lecture ouvert codant pour une protéine détectable par une telle technique.

Pour la mise en oeuvre d'un procédé de criblage *in vivo* d'une substance ou molécule candidate modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, on préférera des mammifères non humains tels que des souris, des rats ou des
15 cobayes ou des lapins qui ont leur génome modifié par l'insertion d'une construction polynucléotidique comprenant un polynucléotide rapporteur d'intérêt placé sous le contrôle d'un acide nucléique régulateur selon l'invention.

Les animaux transgéniques selon l'invention comprennent le transgène, c'est-à-dire la construction polynucléotidique précitée, dans une pluralité de leurs cellules
20 somatiques et/ou germinales.

La construction d'animaux transgéniques selon l'invention peut être réalisée selon des techniques classiques bien connues de l'homme du métier. L'homme du métier pourra en particulier se référer à la production d'animaux transgéniques, et particulièrement à la production de souris transgéniques, telles que décrites dans les
25 brevets US N°4,873,191 (délivré le 10 Octobre 1989), US N°5,464,764 (délivré le 7 Novembre 1995) et US 5,789,215 (délivré le 4 Août 1998) le contenu de ces documents étant ici incorporé par référence.

En bref, une construction polynucléotidique comprenant un acide nucléique régulateur selon l'invention et un polynucléotide rapporteur d'intérêt placé sous le
30 contrôle de ce dernier est insérée dans une lignée de cellules souches de type ES. L'insertion de la construction polynucléotidique est réalisée de préférence par électroporation, telle que décrite par Thomas et al. (1987, Cell, Vol.51:503-512).

Les cellules ayant subi l'étape d'électroporation sont ensuite criblées pour la présence de la construction polynucléotidique (par exemple par sélection à l'aide de marqueurs, ou encore par PCR ou par analyse sur gel d'électrophorèse d'ADN de type Southern) afin de sélectionner les cellules positives ayant intégré la construction polynucléotidique exogène dans leur génome, le cas échéant à la suite d'un événement de recombinaison homologue. Une telle technique est par exemple décrite par MANSOUR et al. (*Nature* (1988) **336**: 348-352).

Ensuite, les cellules sélectionnées positivement sont isolées, clonées et injectées dans des blastocystes de souris de 3,5 jours, comme cela est décrit par BRADLEY (1987, *Production and Analysis of Chimaeric mice*. In: E. J. ROBERTSON (Ed., *teratocarcinomas and embryonic stem cells: A practical approach*. IRL press, Oxford, page 113). Des blastocystes sont ensuite introduits dans un animal hôte femelle et le développement de l'embryon est poursuivi jusqu'au terme.

Selon une alternative, des cellules de type ES sélectionnées positivement sont mises en contact avec des embryons de 2,5 jours à un stade 8-16 cellules (*morulae*) comme décrit par WOOD et al. (1993, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, vol.90: 4582-4585) ou par NAGY et al. (1993, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, vol. 90: 8424-8428), les cellules ES étant internalisées afin de coloniser extensivement le blastocyste, y compris les cellules donnant naissance à la lignée germinale.

Les descendants sont ensuite testés afin de déterminer ceux qui ont intégré la construction polynucléotidique (le transgène).

L'invention a donc également pour objet un animal transgénique non humain dont les cellules somatiques et/ou germinales ont été transformées par un acide nucléique ou une construction polynucléotidique selon l'invention.

L'invention a également trait à des cellules hôtes recombinantes obtenues à partir d'un animal transgénique tel que décrit ci-dessus. Des lignées de cellules recombinantes provenant d'un animal transgénique selon l'invention peuvent être établies en culture à long terme à partir de n'importe quel tissu d'un tel animal transgénique, par exemple par transfection des cultures de cellules primaires avec des vecteurs exprimant des oncogènes tels que le grand antigène T de SV40, tel que décrit par exemple par CHOU (1989, *Mol. Endocrinol.* Vol.3: 1511-1514) et SCHAY et al. (1991, *Biochem. Biophys. Acta*, vol. 1072: 1-7).

L'invention est également relative à un procédé pour le criblage *in vivo* d'une molécule ou d'une substance candidate modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, comportant les étapes consistant à a) administrer la substance ou la molécule candidate à un animal transgénique tel que défini ci-dessus ;
5 b) détecter le niveau d'expression d'un polynucléotide rapporteur d'intérêt placé sous le contrôle de l'acide nucléique régulateur ; c) comparer les résultats obtenus au b) avec les résultats obtenus chez un animal transgénique n'ayant pas reçu la substance ou la molécule candidate.

L'invention est en outre relative à un procédé de criblage *in vivo* d'une
10 substance ou molécule modulant la transcription d'un polynucléotide d'intérêt constitutif d'un acide nucléique selon l'invention, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes consistant à (a) administrer la substance ou molécule candidate à un mammifère transgénique non humain tel que défini ci-dessus; (b) détecter l'expression du polynucléotide d'intérêt chez le mammifère transgénique tel que traité à l'étape a); et
15 (c) comparer les résultats de détection de l'étape (b) aux résultats observés chez un mammifère transgénique non humain tel que défini ci-dessus n'ayant pas reçu l'administration de la substance ou molécule candidate.

L'invention se rapporte aussi à un kit ou nécessaire pour le criblage *in vivo* d'une molécule ou substance candidate modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, comprenant (a) un animal transgénique tel que défini ci-dessus ; (b) le cas échéant, les moyens de détection du niveau d'expression du polynucléotide rapporteur d'intérêt.

COMPOSES ET COMPOSITIONS PHARMACEUTIQUES

L'invention concerne aussi des compositions pharmaceutiques destinées à la
25 prévention ou au traitement d'un déficit dans le métabolisme des lipides, ou d'un dysfonctionnement dans les processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

En premier lieu, l'invention a également pour objet une substance ou une molécule candidate modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention.

30 De manière tout à fait préférée, l'invention concerne également une substance ou une molécule candidate caractérisée en ce qu'elle augmente l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention, et tout particulièrement d'un acide nucléique régulateur comprenant la séquence SEQ ID N°1, 2, 4 ou 5.

Préférentiellement, une telle substance ou molécule capable de moduler l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention a été sélectionnée selon l'un des procédés de criblage in vitro ou in vivo défini ci-dessus.

Ainsi, un sujet affecté dans le métabolisme des lipides ou dans la signalisation de l'immunité est traité par l'administration à ce sujet d'une quantité efficace d'un composé modulant l'activité d'un acide nucléique régulateur selon l'invention.

Ainsi, un patient ayant une faible activité du promoteur ABCA7 peut être traité avec une molécule ou une substance précitée afin d'augmenter l'activité du promoteur ABCA7.

De manière alternative, un patient ayant une activité du promoteur ABCA7 anormalement haute peut être traité avec un composé capable de diminuer ou de bloquer l'activité du promoteur ABCA7.

Ainsi, la présente invention se rapporte également à une substance ou molécule utilisée en tant que principe actif d'un médicament.

Un tel composé peut être un composé qui module l'interaction d'au moins un facteur de transcription avec le promoteur ABCA7 ou un élément régulateur d'un acide nucléique régulateur selon l'invention.

Par exemple, le composé peut inhiber l'interaction de l'un des facteurs de transcription listés dans le tableau 1 avec un acide nucléique régulateur selon l'invention.

Le composé peut également être un composé qui module l'activité d'un facteur de transcription se fixant au promoteur de ABCA7 ou encore d'un élément régulateur présent sur ce dernier.

Un composé d'intérêt thérapeutique selon l'invention peut également être un composé qui module l'interaction d'un premier facteur de transcription avec un second facteur de transcription.

Comme détaillé dans l'analyse des différents facteurs de transcription susceptibles de se fixer à la séquence SEQ ID N°1, 2, 4, ou 5 certains facteurs de transcription sont actifs seulement s'ils sont associés avec un autre facteur de transcription.

Un composé d'intérêt thérapeutique selon l'invention est préférentiellement choisi parmi les acides nucléiques, les peptides et les petites molécules.

Par exemple, un tel composé peut être un acide nucléique antisens qui se fixe

spécifiquement sur une région du promoteur ABCA7 ou sur un élément régulateur d'un acide nucléique régulateur d'ABCA7 et inhibant ou diminuant l'activité du promoteur.

Ce composé d'intérêt thérapeutique peut également être un acide nucléique antisens qui interagit spécifiquement avec un gène codant pour un facteur de transcription modulant l'activité du promoteur ABCA7, de telle manière que l'interaction de l'acide nucléique antisens avec le gène codant pour le facteur de transcription se fixant sur le promoteur ABCA7 diminue la production de ce facteur de transcription, résultant en une augmentation ou une diminution de l'activité du promoteur ABCA7, selon que le facteur de transcription augmente ou au contraire réduit l'activité du promoteur ABCA7.

La toxicité et l'efficacité thérapeutique des composés thérapeutiques selon l'invention peuvent être déterminées selon les protocoles pharmaceutiques standard dans des cellules en culture ou chez des animaux expérimentaux, par exemple pour déterminer la dose létale LD₅₀ (c'est-à-dire la dose létale pour 50% de la population testée) ainsi que la dose efficace ED₅₀ (c'est-à-dire la dose thérapeutiquement efficace dans 50% de la population testée).

Pour tous les composés d'intérêt thérapeutique selon l'invention, la dose thérapeutiquement efficace peut être estimée initialement à partir de tests réalisés dans des cultures cellulaires *in vitro*.

L'invention a également pour objet des compositions pharmaceutiques comprenant une quantité thérapeutiquement efficace d'une substance ou molécule d'intérêt thérapeutique selon l'invention.

Les compositions pharmaceutiques selon l'invention sont plus particulièrement destinées au traitement et/ou à la prévention des déficiences dans le métabolisme des lipides, ou dans les mécanismes impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

De telles compositions pharmaceutiques peuvent être formulées de manière classique en utilisant un ou plusieurs vecteurs ou excipients physiologiquement acceptables.

Ainsi, les composés d'intérêt thérapeutique selon l'invention, ainsi que leurs sels et solvates physiologiquement acceptables, peuvent être formulés pour une administration par injection, inhalation ou encore par administration orale, buccale, parentérale ou rectale. Des techniques de préparation de compositions pharmaceutiques selon l'invention peuvent être aisément retrouvées par l'homme du

métier, par exemple dans l'ouvrage Remington's Pharmaceutical Sciences, Mead Publishing Co., Easton, PA, Etats-Unis.

Pour une administration systémique, on préférera l'injection, y compris les injections intramusculaires, intraveineuses, intrapéritonéales et sous-cutanées. Dans ce cas, les compositions pharmaceutiques selon l'invention peuvent être formulées sous forme de solutions liquides, de préférence dans des solutions ou tampons physiologiquement compatibles.

PROCEDE DE DETECTION D'UNE ALTERATION DE LA TRANSCRIPTION DU GENE ABCA7 HUMAIN

L'invention a en outre pour objet des procédés pour déterminer si un sujet présente un risque pour le développement d'une pathologie liée à un déficit dans le métabolisme des lipides, ou dans les processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

De telles méthodes comprennent la détection, dans des cellules d'un échantillon biologique provenant du sujet à tester, de la présence ou de l'absence d'une altération génétique caractérisée par une altération dans l'expression d'un gène dont l'expression est régulée par le promoteur de ABCA7.

A titre illustratif, de telles altérations génétiques peuvent être détectées afin de déterminer l'existence d'une délétion d'un ou plusieurs nucléotides dans la séquence d'un acide nucléique régulateur d'ABCA7, de l'addition d'un ou plusieurs nucléotides ou encore de la substitution d'un ou plusieurs nucléotidiques dans ladite séquence SEQ ID N°1, 2, 3 ou 6.

Selon un mode particulier de réalisation d'un procédé de détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, l'altération génétique est identifiée selon une méthode comprenant le séquençage de tout ou partie de la séquence SEQ ID N°1, ou alternativement de tout ou partie d'au moins la séquence SEQ ID N°2.

Des amorces de séquençage peuvent être construites afin d'hybrider avec une région déterminée de la séquence SEQ ID N°1. De telles amorces de séquençage sont construites préférentiellement de manière à amplifier des fragments d'environ 300

à environ 500 nucléotides de la séquence SEQ ID N°1 ou d'une séquence complémentaire.

Les fragments amplifiés, par exemple par la méthode PCR, sont ensuite séquencés et la séquence obtenue est comparée à la séquence de référence SEQ ID N°1 afin de déterminer si une ou plusieurs délétions, additions ou substitutions de nucléotides sont retrouvées dans la séquence amplifiée à partir de l'ADN contenu dans l'échantillon biologique provenant du sujet testé.

L'invention concerne donc encore un procédé de détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comportant les étapes suivantes :

10 a) séquençage d'un fragment d'acide nucléique amplifiable à l'aide d'au moins une amorce nucléotidique hybridant avec la séquence SEQ ID N°1 ou SEQ ID N°2 selon l'invention;

b) aligner la séquence obtenue en a) avec la séquence SEQ ID N°1 ou la SEQ ID N°2;

15 c) déterminer la présence d'une ou plusieurs délétions, additions ou substitutions d'au moins un nucléotide dans la séquence du fragment d'acide nucléique, par rapport à la séquence SEQ ID N°1 ou SEQ ID N° 2 de référence.

L'invention concerne également un kit ou nécessaire pour la détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant une ou plusieurs amorces de séquençage capables de s'hybrider avec une région de la séquence SEQ ID No : 1, et ainsi de permettre le séquençage d'un polynucléotide localisé en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7 chez le sujet à tester.

En outre, font également partie de l'invention des sondes oligonucléotidiques hybridant avec une région de la séquence SEQ ID N°1 ou de la séquence SEQ ID N° 2 dans laquelle une altération dans la séquence a été déterminée lors de la mise en oeuvre du procédé de détection décrit ci-dessus.

De manière alternative, font aussi partie de l'invention des sondes oligonucléotidiques hybridant spécifiquement avec une région correspondante de la séquence SEQ ID N°1 ou de la séquence SEQ ID N°2, pour laquelle une ou plusieurs délétions, additions ou substitutions d'au moins un nucléotide a été déterminée chez un sujet.

De telles sondes oligonucléotidiques constituent des moyens de détection d'altérations dans la séquence régulatrice du gène ABCA7 et donc également des moyens de détection d'une prédisposition au développement d'une pathologie liée à un déficit dans le métabolisme des lipides ou à dysfonctionnement au niveau des processus impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

L'invention a donc encore pour objet un kit ou nécessaire de détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant:

- a) une ou plusieurs amorces hybridant avec une région de la séquence SEQ ID N°1 ou de la séquence SEQ ID N°2 ;
- 10 b) le cas échéant, les moyens nécessaires à la réalisation d'une réaction d'amplification.

L'invention a encore pour objet un kit ou nécessaire pour la détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant :

- a) une ou plusieurs sondes oligonucléotidiques telles que définies ci-dessus;
- 15 b) le cas échéant, les réactifs nécessaires à la réalisation d'une réaction d'hybridation.

L'invention a également pour objet un kit ou nécessaire pour la détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant une ou plusieurs sondes hybridant avec une région de la séquence SEQ ID No : 1 ou de la séquence SEQ ID No : 2 permettant de quantifier l'ARN messager de ABCA7 dans un matériel biologique provenant dudit sujet à tester.

Les fragments d'acides nucléiques dérivés de l'une quelconque des séquences nucléotidiques SEQ ID N° 1-6 sont donc utiles pour la détection de la présence d'au moins une copie d'une séquence nucléotidique régulatrice du gène ABCA7 ou encore d'un fragment ou d'un variant (contenant une mutation ou un polymorphisme) de cette dernière dans un échantillon.

Les sondes ou les amorces nucléotidiques selon l'invention comprennent au moins 8 nucléotides consécutifs d'un acide nucléique choisi dans le groupe constitué des séquences SEQ ID NO 1-5, ou d'un acide nucléique de séquence complémentaire.

De préférence, des sondes ou amorces nucléotidiques selon l'invention auront une longueur de 10, 12, 15, 18 ou 20 à 25, 35, 40, 50, 70, 80, 100, 200, 500, 1000, 1500 nucléotides consécutifs d'un acide nucléique selon l'invention, en particulier un

acide nucléique de séquence nucléotidique choisie parmi les séquences SEQ ID NO 1-5.

Alternativement, une sonde ou une amorce nucléotidique selon l'invention consistera et/ou comprendra les fragments d'une longueur de 12, 15, 18, 20, 25, 35, 40, 50, 100, 200, 500, 1000, 1500 nucléotides consécutifs d'un acide nucléique selon l'invention, plus particulièrement d'un acide nucléique choisi parmi les séquences SEQ ID N°1-5, ou d'un acide nucléique de séquence complémentaire.

La définition d'une sonde et d'une amorce nucléotidique selon l'invention englobe donc des oligonucléotides qui hybrident, dans les conditions d'hybridation de forte stringence définies ci-avant, avec un acide nucléique choisi parmi les séquences SEQ ID NO 1-5, 6 ou 8 ou avec une séquence complémentaire de ces derniers.

Des exemples d'amorces et de couples d'amorces permettant d'amplifier différentes régions du gène ABCA7 sont représentés ci-dessous.

Il s'agit par exemple du couple d'amorces représenté par l'amorce de séquence SEQ ID N°9 : AGCCAGCAACGCAATCCTCC et l'amorce de séquence SEQ ID N°10: CGCACCATGTCAATGAGCCC.

Une amorce ou une sonde nucléotidique selon l'invention peut être préparée par toute méthode adaptée bien connue de l'homme du métier, y compris par clonage et action d'enzymes de restriction ou encore par synthèse chimique directe selon des techniques telles que la méthode au phosphodiester de Narang et al., (*Methods Enzymol* (1979) **68**:90-98) ou de Brown et al. (*Methods Enzymol* (1979) **68**:109-151), la méthode aux diéthylphosphoramidites de Beaucage et al. (*Tetrahedron Lett* (1980) **22**: 1859-1862) ou encore la technique sur support solide décrite dans le brevet EP 0 707 592.

Chacun des acides nucléiques selon l'invention, y compris les sondes et amorces oligonucléotidiques décrites ci-dessus, peut être marqué, si désiré, en incorporant un marqueur détectable par des moyens spectroscopiques, photochimiques, biochimiques, immunochimiques ou encore chimiques.

Par exemple, de tels marqueurs peuvent consister en des isotopes radioactifs (³²P, ³³P, ³H, ³⁵S), des molécules fluorescentes (5-bromodéoxyuridine, fluorescéine, acétylaminofluorène, digoxigénine) ou encore des ligands tels que la biotine.

Le marquage des sondes est réalisé de préférence par incorporation de molécules marquées au sein des polynucléotides par extension d'amorces, ou bien par rajout sur les extrémités 5' ou 3' ou encore par « nick translation ».

Des exemples de marquage non radioactifs de fragments d'acides nucléiques sont décrits notamment dans le brevet français n° FR 78 109 75 ou encore dans les articles de Urdea et al. (*Nucleic Acid Res* (1988) 11: 4937-4957) ou Sanchez-pescador et al. (*J Clin Microbiol* (1988) 26(10) 1934-1938).

De manière avantageuse, les sondes selon l'invention peuvent avoir des caractéristiques structurales de nature à permettre une amplification du signal, telles que les sondes décrites par Urdea et al. (*Mol. Cell. Biol.*, (1991) 6 : 716-718), ou encore dans le brevet européen n° EP-0 225 807 (CHIRON).

Les sondes oligonucléotides selon l'invention peuvent être utilisées notamment dans des hybridations de type Southern à l'ADN génomique ou bien de type northern à l'ARN.

Les sondes selon l'invention peuvent aussi être utilisées pour la détection de produits d'amplification PCR ou encore pour la détection de mésappariements.

Des sondes ou amorces nucléotidiques selon l'invention peuvent être immobilisées sur un support solide. De tels supports solides sont bien connus de l'homme du métier et comprennent des surfaces des puits de plaques de microtitration, des lits de polystyrène, des lits magnétiques, des bandes de nitrocellulose, ou encore des microparticules telles que des particules de latex.

En conséquence, la présente invention concerne également un procédé de détection de la présence d'un acide nucléique tel que décrit ci-avant dans un échantillon, ladite méthode comprenant les étapes consistant à :

1) mettre en contact une ou plusieurs sondes nucléotidiques selon l'invention avec l'échantillon à tester ;

2) détecter le complexe éventuellement formé entre la ou les sondes et l'acide nucléique présent dans l'échantillon.

Selon un mode de réalisation particulier du procédé de détection selon l'invention, la ou les sondes oligonucléotidiques sont immobilisées sur un support.

Selon un autre aspect, les sondes oligonucléotidiques comprennent un marqueur détectable.

L'invention concerne en outre un nécessaire ou kit pour la détection de la présence d'un acide nucléique selon l'invention dans un échantillon, ledit nécessaire comprenant :

- a) une ou plusieurs sondes nucléotidiques telles que décrites ci-dessus ;
- 5 b) le cas échéant, les réactifs nécessaires à la réaction d'hybridation.

Selon un premier aspect, le nécessaire ou kit de détection est caractérisé en ce que la ou les sondes sont immobilisées sur un support.

Selon un second aspect, le nécessaire ou kit de détection est caractérisé en ce que les sondes oligonucléotidiques comprennent un marqueur détectable.

10 Selon un mode de réalisation particulier du kit de détection décrit ci-dessus, un tel kit comprendra une pluralité de sondes oligonucléotidiques conformes à l'invention qui pourront être utilisées pour détecter des séquences cibles d'intérêt ou alternativement détecter des mutations dans les régions codantes ou les régions non codantes des acides nucléiques selon l'invention, plus particulièrement des acides
15 nucléiques de séquences SEQ ID NO 1-5, 6 et 8 ou les acides nucléiques de séquence complémentaire.

Ainsi, les sondes selon l'invention immobilisées sur un support peuvent être ordonnées en matrices telles que les "puces à ADN". De telles matrices ordonnées ont été en particulier décrites dans le brevet US N° 5,143,854, dans les demandes PCT
20 N° WO 90/150 70 et 92/10092.

Des matrices supports sur lesquelles des sondes oligonucléotidiques ont été immobilisées à une haute densité sont par exemple décrites dans les brevets US N°5,412,087 et dans la demande PCT N°WO 95/11995.

25 Les amorces nucléotidiques selon l'invention peuvent être utilisées pour amplifier l'un quelconque des acides nucléiques selon l'invention, et plus particulièrement tout ou partie d'un acide nucléique de séquences SEQ ID NO 1-5, ou encore un variant de celui-ci.

Un autre objet de l'invention concerne un procédé pour l'amplification d'un acide nucléique selon l'invention, et plus particulièrement un acide nucléique de
30 séquences SEQ ID NO 1-5 ou un fragment ou un variant de celui-ci contenu dans un échantillon, ledit procédé comprenant les étapes consistant à :

- a) mettre en contact l'échantillon, dans lequel la présence de l'acide nucléique cible est suspectée, avec une paire d'amorces nucléotidiques dont la position

d'hybridation est localisée respectivement du côté 5' et du côté 3' de la région de l'acide nucléique cible dont l'amplification est recherchée, en présence des réactifs nécessaires à la réaction d'amplification ; et

b) détecter des acides nucléiques amplifiés.

5 Pour mettre en œuvre le procédé d'amplification tel que défini ci-dessus, on aura avantageusement recours à l'une quelconque des amorces nucléotidiques décrites ci-avant.

L'invention a en outre pour objet un nécessaire ou kit pour l'amplification d'un acide nucléique selon l'invention, et plus particulièrement tout ou partie d'un acide
10 nucléique de séquences SEQ ID NO 1-5 ledit nécessaire ou kit comprenant :

a) un couple d'amorces nucléotidiques conformes à l'invention, dont la position d'hybridation est localisée respectivement du côté 5' et du côté 3' de l'acide nucléique cible dont l'amplification est recherchée ;

b) le cas échéant, les réactifs nécessaires à la réaction d'amplification.

15 Un tel nécessaire ou kit d'amplification comprendra avantageusement au moins une paire d'amorces nucléotidiques telles que décrites ci-dessus.

L'invention est en outre illustrée, sans pour autant être limitée, par les figures et les exemples ci-après.

La figure 1 est une représentation schématique des sites de facteurs de
20 transcription retrouvés chez l'homme et la souris au sein de la région promotrice des gènes ABCA7.

La figure 2 illustre la séquence SEQ ID N°1 et la position de chacun des motifs caractéristiques de fixation à différents facteurs de transcription est représentée en caractères gras, la désignation du facteur de transcription spécifique de la séquence
25 correspondante étant indiquée au-dessus de la séquence nucléotidique.

La figure 3 illustre la séquence SEQ ID N°4 et la position de chacun des motifs caractéristiques de fixation à différents facteurs de transcription est représentée en caractères gras, la désignation du facteur de transcription spécifique de la séquence correspondante étant indiquée au-dessus de la séquence nucléotidique.

30 La figure 4 illustre le pattern d'expression du gène ABCA7 humain sur des northern blots de différents tissus adultes et fœtaux (Clontech) hybridés avec un amplimère réalisé avec les amorces SEQ ID N°9 et 10 (tableau 4).

La figure 5 illustre le pattern d'expression du gène ABCA7 murin sur un northern blot de différents tissus adultes hybridés avec un amplimère réalisé avec des amorces spécifiques du transcrit murin.

La figure 6 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 sur une coupe transversale d'artère inflammée, par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

La figure 7 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 sur une section de bronches d'une patiente asthmatique, par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

La figure 8 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 sur une section de colon d'un patient atteint de la maladie de Crohn, par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

La figure 9 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 sur une section de ganglion lymphatique, par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

La figure 10 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 d'une section de synovie d'une patiente atteinte d'arthrite rhumatoïde, par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

La figure 11 représente le profil d'expression du gène codant pour la protéine ABCA7 sur une section de peau d'une patiente atteinte de psoriasis par hybridation *in situ* avec une sonde antisens ABCA7.

EXEMPLES:

EXEMPLE 1 : Détermination de l'extrémité 5' du cDNA de ABCA7

Une amplification de l'extrémité du mRNA par RT-PCR (RACE) a été réalisée en utilisant le kit d'amplification SMART RACE cDNA (Clontech, Palo Alto, CA). Des ARNm (polyA) extraits à partir des tissus humains de la rate ont été utilisés comme matrice pour produire une banque de cDNA 5' SMART selon les instructions du constructeur. Les amorces de première amplification et les amorces internes ont été choisies à partir de la séquence cDNA. Les amplifications réalisées avec les amorces internes d'amplification PCR ont été clonées. Des clones spécifiques ont été ensuite

amplifiés en utilisant des amorces dont les séquences sont respectivement (CAGGAAACAGCTATGAC) et (GCCAGTGTGATGGATAT) et séquencés sur les deux brins. Enfin les primers ABCA7 L1 GCGGAAAGCAGGTGTTGTTTAC (SEQ ID N° :11) et ABCA7L2 CGATGGCAGTGGCTTGTGTTTGG (SEQ ID N° :12) ont été utilisés pour
5 identifier l'extrémité du cDNA de ABCA7 humain.

EXEMPLE 2 : Analyse du promoteur des gènes ABCA7 humain et murin

Le site d'initiation de la transcription a été situé sur les promoteurs des gènes
10 humain et murin de ABCA7 en utilisant les trois logiciels suivants: TSSG et TSSW (Solovyev et al., *Ismb* (1997) 5, 294-302) et NNPP (Reese MG, et al., 1999). Une prévision des sites de fixation des facteurs de transcription humains et murins a été effectuée en utilisant le programme de recherche de motifs MatInspector (Quandt et al., *Nucl Acid Research* (1995) 23(23) 4878-84). Le calcul des scores pour chaque site de
15 fixation des facteurs de transcription est effectué en utilisant la formule suivante : $(Of - Tf)/(Tf)^{1/2}$, dans laquelle Of est la fréquence d'observation d'un motif et Tf est la fréquence calculée d'un motif consensus. Afin de séparer les motifs qui ne sont pas considérés comme pertinents, une première étape de filtration a été réalisé en ajustant le score « similarité de la matrice » du programme MatInspector au dessus de 0,85 et
20 le score « similarité du core » au dessus de 0,99. Enfin, une analyse comparative des promoteurs inter-espèces a été réalisée selon ce qui est décrit par Werner T (*Models for prediction and recognition of eukaryotic promoters, Mammalian Genome* (1999) 10: 168-175) afin de définir des modules de transcription comprenant des sites ayant un motif similaire et présents à la fois sur les séquences humaine et murine de la
25 séquence en amont du gène ABCA7.

EXEMPLE 3: Expression préférentielle des gènes ABCA7 humain et murin dans les tissus hématopoïétiques

30

Le profil d'expression des polynucléotides selon la présente invention est déterminé selon les protocoles d'analyse de northern blot et de transcription inverse couplée à la PCR décrits notamment par Sambrook et al (ref. CSH Sambrook, J.,

Fritsch, E.F., and Maniatis, T. (1989). "Molecular Cloning : A Laboratory Manual, " 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.).

Par exemple, dans le cas d'une analyse par transcription inverse, un couple d'amorces synthétisées à partir de chacun des ADNc complets des gènes humain et
5 murin ABCA7 pour détecter les ADNc correspondants. Les séquences de ces amorces sont présentées dans le tableau 4.

La réaction de polymérase en chaîne (PCR) est réalisée sur des matrices d'ADNc correspondant à des ARNm polyA⁺ rétrotranscrits. La transcription inverse en ADNc est réalisée avec l'enzyme SUPERScript II (GibcoBRL, Life Technologies)
10 selon les conditions décrites par le fabricant.

La réaction de polymérase en chaîne est réalisée selon des conditions standard, dans 20 µl de mélange réactionnel avec 25 ng de la préparation d'ADNc. Le mélange réactionnel est composé de 400 µM de chacun des dNTP, de 2 unités de *Thermus aquaticus* (Taq) ADN polymérase (Ampli Taq Gold ; Perkin Elmer), de 0,5 µM
15 de chaque amorce, de 2,5 mM MgCl₂, et de tampon PCR. Trente cycles de PCR (dénaturation 30 s à 94 °C, hybridation de 30 s décomposé comme suit lors des 30 cycles : 64°C 2 cycles, 61°C 2 cycles, 58°C 2 cycles et 55°C 28 cycles et une élongation d'une minute par kilobase à 72°C) sont réalisés après une première étape de dénaturation à 94°C durant 10 min dans un appareil thermocycler Perkin Elmer
20 9700. Les réactions de PCR sont visualisées sur gel d'agarose par électrophorèse. Les fragments d'ADNc obtenus peuvent être utilisés comme sondes pour une analyse par Northern blot et peuvent également être utilisés pour la détermination exacte de la séquence polynucléotidique.

Dans le cas d'une analyse par Northern Blot, une sonde d'ADNc produite
25 comme décrit ci-dessus est marquée au ³²P grâce au système de marquage d'ADN High Prime (Boehringer) selon les instructions indiquées par le fabricant. Après marquage, la sonde est purifiée sur une microcolonne de Sephadex G50 (Pharmacia) selon les instructions indiquées par le fabricant. La sonde marquée et purifiée est alors utilisée pour la détection de l'expression des ARNm dans différents tissus.

30 Le northern blot contenant des échantillons d'ARN de différents tissus humains (Multiple Tissue northern ou MTN ; références (Human II, 7759-1, Human 7760-1, and Human Fetal II 7756-1, Clontech) est hybridé avec la sonde spécifique marquée désignée de ABCA7 (2637-4881pb).

Le protocole suivi pour les hybridations et lavages peut être soit directement celui décrit par le fabricant (Manuel d'utilisation PT1200-1) soit une adaptation de ce protocole en utilisant les méthodes connues de l'homme de l'art et décrites par exemple dans F.Ausubel et al (*Currents Protocols in Molecular Biology*, Green Publishing Associates and Wiley Interscience NY (1989). On pourra ainsi faire varier par exemple les températures de préhybridation et d'hybridation en présence de formamide.

Par exemple on pourra utiliser le protocole suivant :

10 **1- Compétition des membranes et PRE HYBRIDATION :**

- Mélanger : 40µl ADN sperme de saumon (10mg/ml)
+ 40 µl ADN placentaire humain (10mg/ml)

15 - Dénaturer 5 mn à 96°C, puis plonger dans la glace le mélange.

- Ôter le SSC 2X et verser 4 ml de mix formamide dans le tube d'hybridation contenant les membranes.

20 - Ajouter le mélange des deux ADN dénaturés.

- Incubation à 42°C pendant 5 à 6 heures, avec rotation.

2- Compétition de la sonde marquée :

25

- Ajouter à la sonde marquée et purifiée 10 à 50 µl ADN Cot I, selon la quantité de séquences répétées.

- Dénaturer 7 à 10 mn à 95°C.

30

- Incuber à 65°C pendant 2 à 5 heures.

3- HYBRIDATION :

- Oter le mélange de pré-hybridation.
- Mélanger 40 µl ADN sperme de saumon + 40 µl ADN placentaire humain ; dénaturer
5 5 mn à 96°C, puis plonger dans la glace.
- Ajouter dans le tube d'hybridation 4 ml de mélange formamide, le mélange des deux ADN et la sonde marquée/ADN Cot I dénaturée.
- 10 - Incuber 15 à 20 heures à 42°C, avec rotation.

4- Lavages :

- Un lavage à température ambiante dans du SSC 2X, pour rincer.
15
- 2 fois 5 minutes à température ambiante SSC 2X et SDS 0,1%.
- 2 fois 15 minutes SSC 0,1X et SDS 0,1% à 65°C.

Après hybridation et lavage, le blot est analysé après une nuit d'exposition au
20 contact d'un écran au phosphore révélé à l'aide du Storm (Molecular Dynamics, Sunnyvale, CA).

Les résultats présentés à la figure 5 montrent que le gène ABCA7 de souris est exprimé dans les tissus adultes. Une quantité plus élevée d'ARNm ABCA7 murin est détectée dans les tissus hématopoïétiques tels que la rate et le thymus, ce qui est
25 cohérent avec l'expression de ABCA7 qui a été observée dans les lignées myélomonocytaires et lymphocytaires. Aucune expression du gène ABCA7 n'a été détectée dans les lignées cellulaires fibroblastiques.

La figure 4 montre un pattern d'expression similaire du gène ABCA7 humain avec toutefois un fort signal d'hybridation dans le foie fœtal.

30

EXEMPLE 4 : Analyse du profil d'expression génique pour les dysfonctionnements dans le métabolisme des lipides, ou dans la signalisation de l'inflammation

La vérification de l'altération du niveau d'expression du gène ABCA7 peut-être déterminé par hybridation de ces séquences avec des sondes correspondant aux ARNm provenant de tissus hématopoïétiques de sujets atteints ou non, selon les méthodes décrites ci-dessous :

1. Préparation des ARN totaux, des ARNm poly(A)⁺ et de sondes de cDNA

Les ARN totaux sont obtenus à partir de tissus hématopoïétiques de sujets normaux ou bien atteints par la méthode à l'isothiocyanate de guanidine (Chomczynski et al., *Anal Biochem* (1987) 162:156-159). Les ARNm poly(A)⁺ sont obtenus par chromatographie d'affinité sur colonnes d'oligo(dT)-cellulose (Sambrook et al., (1989) *Molecular cloning: a laboratory manual. 2ed. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold spring Harbor, New York*) et les cDNA utilisés comme sondes sont obtenus par RT-PCR (DeRisi et al., *Science* (1997) 278: 680-686) avec des oligonucléotides marqués avec un produit fluorescent (Amersham Pharmacia Biotech ; CyDyeTM).

2. Hybridation et détection des niveaux d'expressions

Les lames de verre contenant les séquences selon la présente invention correspondant au gène ABCA7 sont hybridées avec les sondes nucléotidiques préparées à partir de l'ARN messager de la cellule à analyser. L'utilisation du système Amersham/molecular Dynamics (Avalanche MicroscannerTM) permet la quantification différentielle des expressions des produits de séquences sur le type cellulaire sain ou affecté.

EXEMPLE 5 : Test destiné au criblage de molécules activant ou inhibant l'expression du gène ABCA7.

Le test de criblage permet d'identifier une substance susceptible de moduler l'activité de synthèse de la protéine ABCA7.

5.1 Construction des plasmides d'expression contenant un acide nucléique régulateur du gène ABCA7 humain.

La région de l'acide régulateur du gène ABCA7 humain allant du nucléotide en position -1111 jusqu'au nucléotide en position -1, par rapport au site d'initiation de la transcription, peut être amplifiée par la technique PCR à l'aide du couple d'amorces spécifiques de la région décrite ci-dessus à partir d'ADN génomique humain présent dans un vecteur BAC d'une collection de vecteurs BAC humains.

Le fragment d'ADN amplifié est digéré par l'endonucléase de restriction Sal 1, puis inséré dans le vecteur PXP1 décrit par Nordeen et al. (*Bio Techniques*, (1988) 6 : 454-457), au niveau du site de restriction Sal 1 de ce vecteur. L'insert a ensuite été séquencé.

5.2 Culture cellulaire et transfection

Des cellules de la lignée CHO ou HELA (ATCC, Rockville, MD, USA) ont été mises en culture dans le milieu E-MEM (Minimum Essential Medium with Earle's Salts) additionné de 10% (v/v) de sérum de veau fœtal (BioWhittaker, Walkersville, MD). Approximativement $1,5 \times 10^5$ cellules ont été distribuées dans chacun des puits d'une plaque de culture de 12 puits (2,5 cm), et ont été cultivées jusqu'à environ 50-70% de confluence, puis co-transformées avec 1 μ g du plasmide Sal-Lucif et 0,5 μ g du vecteur témoin pBetagal (CloneTech Laboratories Inc., Palo Alto, CA, USA) en utilisant le nécessaire Superfectin Reagent Kit (QIAGEN Inc., Valencia, CA, USA). Deux heures après l'addition de l'ADN, le milieu de culture est éliminé et remplacé par du milieu complet AMEM (Minimum Essential Medium Eagle's Alpha Modification). Après une durée de vingt heures, les cellules sont placées dans du milieu frais de type DMEM (Dulbecco's Minimum Essential Medium) additionné de 2 μ g/ml de glutamine, 100 unités/ml de streptomycine et de 0,1% de séralbumine bovine (BSA, Fraction V), en présence ou non de molécules à différentes concentrations.

Les cellules sont récupérées 16 heures après le dernier changement de milieu en utilisant une solution de lyse (Lysis Solution) provenant du nécessaire Tropix Luciferase Assay Kit (Tropix Inc., Bedford, MA, USA). Le lysat cellulaire est divisé en fractions aliquotes qui sont utilisées pour quantifier les protéines en utilisant le nécessaire MicroBCA Kit (Pierce, Rockford, IL, USA) ainsi que pour quantifier la production de luciférase et de bêta-galactosidase en utilisant respectivement les

nécessaires Tropix Luciferase Assay Kit et Galacto-Light Plus Kit. Les tests sont réalisés selon les recommandations du fabricant. Les molécules actives sur le promoteur ABCA7 sont ensuite sélectionnées en fonction du ratio « activité luciférase/activité beta-galactosidase.

5

EXEMPLE 6 : Experiences d'hybridation in situ.

Des échantillons de tissus concernés dans la paraffine ont été hybridés avec des sondes ARN complémentaires marquées radioactives. Plus précisément, un
10 fragment du gène ABCA7 correspondant à la séquence nucléotidique allant du nucléotide 594 au nucléotide 1055 de la séquence GenBank désignée NM-019112 a été sous clonée dans la plasmide pCRII (Invitrogen).

Des sondes ARN antisens marquées à l'Uridine triphosphate ³⁵S ont été ensuite générées avec les ARN polymerases SP6 et T7, puis hybridées aux différentes
15 sections tissulaires.

Les différentes sections de tissus ont été digérées avec la protéinase K et hybridées avec les sondes précédemment décrites à une concentration égale à environ 3,5x10⁷ dpm/ml pendant 18 heures à 65°C. Les lames ont été ensuite traitées avec de l'ARNase A et lavées dans du SSC, 0,1X à 70°C pendant 2 heures, et ont été
20 recouvertes d'une émulsion photographique Kodak NTB-2, exposées pendant 7 jours à 4°C, puis révélées en utilisant une solution Kodak D-19.

Elles ont été enfin colorées à l'hématoxyline et l'éosine (H&E) et les images ont été réalisées en utilisant une caméra photo digitale DVC couplée à un microscope Nikon.

25 La figure 6 est une coupe de l'artère d'un homme de 92 ans ayant subi une amputation au-dessous du genou, et présentant de l'artériosclérose ainsi qu'une inflammation aiguë. On observe un faible marquage spécifique des macrophages dans les thrombus et dans le site d'infiltration inflammatoire dans la tunique adventice.

La figure 7 qui est une section de bronches prélevées lors de l'autopsie d'une
30 femme asthmatique âgée de 63 ans, montre un faible marquage des lymphocytes et des macrophages dans l'infiltrat inflammatoire sous-muqueux.

La figure 8 est une section de colon prélevé au cours de l'opération d'une femme de 81 ans présentant un diagnostic clinique de la maladie de Crohn. On

observe un marquage des macrophages et d'une sous-famille de lymphocytes dans la lamina propria.

La figure 9 correspond à une coupe d'un ganglion lymphatique prélevé au cours de l'opération d'un homme âgé de 48 ans. Dans le centre germinatif réactif, les
5 cellules ganglionnaires sont faiblement marquées, et des macrophages isolés sont également marqués dans le ganglion lymphatique.

La figure 10 qui représente une coupe de la synoviale d'une femme de 25 ans présentant un diagnostic clinique d'arthrite rhumatoïde, montre un fort marquage des histiocytes sous synoviaux et des macrophages.

10 La figure 11 qui représente une section de peau obtenue suite à la biopsie d'une femme de 55 ans atteinte de psoriasis, montre un marquage moyen des macrophages dans l'infiltrat inflammatoire périvasculaire. Des lymphocytes isolés périvasculaires sont également marqués.

Tableau 1: Sites, scores, consensus, et positions par rapport au point d'initiation de la transcription (TSS) prédits par les logiciels NNPP, TSSG et TSSW chez l'Homme

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
Analyse Comparative entre espèces	GFI1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNN NNNN	gccacaaAAATCGgaagactciaga	3.689729	-569	1.00	0.98
	HNF3B_01	NNNTRITRTYTY	gaaTGTTTggccc	3.978804	-547	0.99	0.85
	CEBPB_01	RNRTKNNNGMAAKNN	cgllgtGGAAtga	1.857499	-498	0.87	0.85
	CEBPB_01	RNRTKNNNGMAAKNN	alciaGGAACcc	1.857489	-469	0.87	0.85
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNNCCNNN	gacTGGCcaagccccgggg	1.651312	-402	1.00	0.86
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	lgCAGCcggt	12.133646	-340	1.00	0.85
	NFKAPPAB_01	GGGAMTTYCC	GGGAacclgcc	9.285691	-260	1.00	0.90
	NFY_Q6	TRCCAATSRN	cgccCAAAtagc	6.200634	-106	1.00	0.89
	AHRARNT_01	KNKNNTYGCCTGCMIS	cgalgaggCGTGcIt	10.450429	-1065	1.00	0.87
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	ggGATCaagg	2.474120	-1004	1.00	0.87
score Z >= 1,96	IK1_01	NNNTGGGAATRCC	caagGGGAaaalg	14.484154	-999	1.00	0.87
	NFY_Q6	TRCCAATSRN	accaTTGGgag	6.200634	-978	1.00	0.87
	LYF1_01	TTTGGGAGR	allGGGAgg	7.208594	-975	1.00	0.91
	BARBIE_01	ATNNAAGCNGRNGG	agcaAAAGcigaagc	32.363969	-963	1.00	0.91
	E47_02	NNNMRCAGGTGTTMNN	agccaCAGGlgagIct	15.631450	-951	1.00	0.88
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	ccaCAGGlgagt	32.908282	-949	1.00	0.89
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ccaCAGGlgagt	2.232288	-949	1.00	0.95
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	aggIagIctGGlggg	16.677521	-945	1.00	0.91
	GFI1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNN NNNN	ggIgaalgaalGAATTigaagg c	3.689729	-934	1.00	0.92
	NRF2_01	ACCGGAAGNS	ggcTTCclgg	6.109080	-883	1.00	0.85
	NFKB_Q6	NGGGGAMTTTCNN	gaggcagTCCcIc	26.126380	-861	1.00	0.88
	CREL_01	SGGRNWTTC	aggcagTTC	2.943267	-860	1.00	0.90
	NFKAPPAB_01	GGGAMTTYCC	ggcagTCCC	9.285691	-859	1.00	0.91
	IK1_01	NNNTGGGAATRCC	geagTCCcIcaa	14.484154	-858	1.00	0.89
	STAT_01	TTCCCRKAA	TTCcIcaa	6.281497	-854	1.00	0.91
	BARBIE_01	ATNNAAGCNGRNGG	ccaIgcCTTggcl	32.363969	-838	1.00	0.90
	USF_Q6	GYCACGTGNC	glcIcGTGgc	5.390268	-802	1.00	0.94
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	IcCCGltggcg	7.064136	-777	1.00	0.86
	VMYB_01	AAYAACGGNN	cccCGTtggc	4.360548	-776	1.00	0.89

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	TATA_01	STATAAAWRNNNNNNN	aactcclaatTTTAlcc	7.166360	-765	1.00	0.87
	GATA_C	NGATAAGNMNN	cclaatTTATcc	2.004465	-761	1.00	0.93
	GATA1_03	NNNNNGATAANNGN	claatTTATcctcaa	2.776354	-760	1.00	0.94
	VIMYB_01	AAYAACGGNN	cccAAGGgca	4.360548	-743	1.00	0.91
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	ctgcccGCGGag	7.064136	-723	1.00	0.87
	AHRARNT_01	KNKKNNTYGCCTGCMS	cccCACGctcact	10.450429	-707	1.00	0.85
	BARBIE_01	ATNNAAGCNGRNGG	ctcAAAAGclgga	32.363969	-680	1.00	0.88
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	caaaGCTGlg	12.133646	-677	1.00	0.87
	AHRARNT_01	KNKKNNTYGCCTGCMS	ccaCACGctcact	10.450429	-664	1.00	0.87
	HFH1_01	NAWTGTTTATWT	aagaGTTTatlt	51.812065	-629	1.00	0.88
	IK1_01	NNNTGGGAATRCC	gagTGGGAaaccg	14.484154	-603	1.00	0.89
	VIMYB_01	AAYAACGGNN	ggaaACGGgl	4.360548	-598	1.00	0.89
	CREL_01	SGGRNWTCC	eggglTTCC	6.194143	-593	1.00	0.98
	NFKAPPAB65_01	GGGRATTCC	eggglTTCC	28.315415	-593	1.00	0.95
	GF11_01	NNNNNNAAATCANNGNNNN	lccclcaaAATCaggglagccact	3.669729	-587	1.00	0.95
	STAT_01	TTCCCRKAA	TTCClcaaa	6.281497	-587	1.00	0.88
	STAT_01	TTCCCRKAA	lccgTGGAA	6.281497	-496	1.00	0.92
	BARBIE_01	ATNNAAGCNGRNGG	accclaatTTTaccg	32.363969	-459	1.00	0.85
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	aglcCCAAGclgga	16.677521	-432	1.00	0.88
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	cccagagCTGGacta	16.677521	-429	1.00	0.90
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	gaCAGCgggg	12.133646	-385	1.00	0.90
	IK1_01	NNNTGGGAATRCC	cagaGGGAaactcc	14.484154	-374	1.00	0.90
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	lccTGAaaltcgg	22.328386	-364	1.00	0.87
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	cggaGCTGgg	24.429942	-354	1.00	0.88
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cggaGCTGgg	3.791000	-354	1.00	0.92
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	cgglatTGCAGcc	22.328386	-346	1.00	0.93
	HLF_01	RTTACRYAAT	GTTAlacaac	12.981423	-332	1.00	0.85
	IK1_01	NNNTGGGAATRCC	clcgTCCCGgag	14.484154	-285	1.00	0.88
	SP1_Q6	NGGGGGCGGGYN	ggagGGCGgctcg	11.119144	-276	1.00	0.86
	NFKB_Q6	NGGGGAMTTCCNN	ctGGGAactgcccg	26.126380	-262	1.00	0.87
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	cgCAGCtccg	24.429942	-146	1.00	0.88
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cgCAGCtccg	3.791000	-146	1.00	0.92
	ATF_01	CNSTGACGTNNNYC	gagTGAAGggcagg	8.675151	-121	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	agTCAAGgga	5.905504	-120	1.00	0.91

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	agTGA Cggga	5.905504	-120	1.00	0.89
	CAAT_01	NNRRCCAATSA	glcgcCCAatag	4.415584	-108	1.00	0.86
	AHRARNT_01	KNKNNTYCGCGCMS	caalagcagCGTGcag	10.450429	-102	1.00	0.90
	AHRARNT_01	KNKNNTYCGCGCMS	agcagggCGTGccc	10.450429	-86	1.00	0.92
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	aaggGCGgcgcgc	15.933816	-28	1.00	0.92
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	aaggGCGgcgcgc	11.119144	-28	1.00	0.93
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	gccIGCTGct	12.133646	-9	1.00	0.86
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	gclgGCGgaggg	11.119144	-2	1.00	0.90
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	gclgGCGgagggga	15.933816	-2	1.00	0.87
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	cgaGGGAaggcg	14.484154	4	1.00	0.87
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	aagaGCTGcg	12.133646	19	1.00	0.89
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	gagaGGGAagaag	14.484154	56	1.00	0.87
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	caagtCCCiggg	14.484154	110	1.00	0.87
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	ccctGGGAatag	14.484154	116	1.00	0.92
	TST1_01	NNKGAWTWANNTNN	tggaAATTagggggt	6.882911	119	1.00	0.87
	NKX25_02	CWTAATTG	gaATTAgg	5.675005	122	1.00	0.91
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	icTGACctct	5.905504	140	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	icTGACctct	5.905504	140	1.00	0.90
	RORA1_01	NWAWNNAGGTCA	cIGACctctcc	15.361241	141	1.00	0.94
	RORA2_01	NWAWNTAGGTCA	cIGACctctcc	33.905118	141	1.00	0.85
	NRF2_01	ACCGGAAGNS	lccTTCCggt	6.109080	147	1.00	0.96
	ATF_01	CNSTGACGTNNNYC	lgtTGACgacggct	8.675151	160	1.00	0.91
	CREB_Q4	NSTGACGTMMANN	gtTGACgacggc	5.543914	161	1.00	0.87
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	gtTGACgacgg	5.905504	161	1.00	0.89
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	gtTGACgacgg	5.905504	161	1.00	0.90
	GFI1_01	NNNNNAAATCANNNNNNNNNN	gaatgatcactGATTcaagg	3.669729	174	1.00	0.92
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	aattGATCac	2.474120	175	1.00	0.97
	TH1E47_01	NNNGNRTCTGGMWTT	lccgacalCTGGgacc	16.677521	203	1.00	0.89
	TAL1ALPHAE47_01	NNNAACAGATGKTNNN	lccgacalCTGGgacc	43.162108	203	1.00	0.86
	TAL1BETA47_01	NNNAACAGATGKTNNN	lccgacalCTGGgacc	43.162108	203	1.00	0.87
	E47_02	NNNMRCAGGTGTTMMN	lcacacaCTGcagcc	15.631450	239	1.00	0.90
	E47_01	NSNGCAGGTGKNCNN	lcacacacCTGcagc	6.708124	239	1.00	0.97
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	acacacCTGcag	2.232288	241	1.00	0.97

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	acacaCCTGcag	32.908282	241	1.00	0.87
	VMYB_01	AAYAACGGNN	gccCGTTaga	4.360548	259	1.00	0.92
	SRV_02	NNWAACAIAWANN	lctACAAatgg	8.473458	293	1.00	0.86
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	lcccCCAGatcctaag	16.677521	320	1.00	0.88
	E4BP4_01	NRTTAYGTAAYN	clgatGTAAag	12.678534	341	1.00	0.86
	VBP_01	GTTACRTNAN	lilatGTAAa	5.053244	342	1.00	0.92
	CREL_01	SGGRNWTTC	GGAAagaacc	2.943267	352	1.00	0.85
	VBP_01	GTTACRTNAN	clggcGTAAg	5.053244	362	1.00	0.86
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	glagggICTGGlct	16.677521	367	1.00	0.92
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	gccIGTCAcc	9.018855	398	1.00	0.92
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	gccIGTCAcc	9.018855	398	1.00	0.89
	AP1_Q4	RSTGACTNMANN	gccIGTCAcc	13.148586	398	1.00	0.86
	ER_Q6	NNARGNNANNTGACCYN	ccIGTCAccllagaac	11.677290	399	1.00	0.88
	ELK1_01	NNNACMGGAAAGTNCNN	agcaacTTCGcccc	15.164525	412	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ccclGTCAGc	9.018855	426	1.00	0.93
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ccclGTCAGc	9.018855	426	1.00	0.92
	AP1_Q4	RSTGACTNMANN	ccclGTCAGc	13.148586	426	1.00	0.89
	GFI1_01	NNNNNAAATCANNGNNNN	clgicagcgaGATTcctcctct	3.669729	429	1.00	0.86
	ATF_01	CNSTGACGTNNNYC	lgicagcGTCAGat	8.675151	430	1.00	0.90
	CREB_Q4	NSTGACGTMMANN	glcagcGTCAGa	11.262690	431	1.00	0.88
	CREB_Q2	NSTGACGTAAANN	glcagcGTCAGa	17.782892	431	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	lcagcGTCAGa	5.905504	432	1.00	0.90
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	lcagcGTCAGa	5.905504	432	1.00	0.88
	TAL1BETAE47_01	NNNAACAGATGKTNNN	tlcccaTCTGlgica	64.766306	443	1.00	0.88
	TAL1BETAITF2_01	NNNAACAGATGKTNNN	tlcccaTCTGlgica	64.766306	443	1.00	0.87
	TAL1ALPHA47_01	NNNAACAGATGKTNNN	tlcccaTCTGlgica	64.766306	443	1.00	0.89
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	lclgIGTCAga	9.018855	450	1.00	0.93
	AP1_Q4	RSTGACTMMANN	lclgIGTCAga	13.148586	450	1.00	0.88
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	lclgIGTCAga	9.018855	450	1.00	0.91
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	aalaGATCag	2.474120	480	1.00	0.95
	GFI1_01	NNNNNAAATCANNGNNNN	agalcaggAATCgcigactccag ₉	3.669729	483	1.00	0.89

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
	AP1_Q2	RSTGACTNNMW	gcTGACtccag	9.018855	495	1.00	0.94
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNNMW	gcTGACtccag	9.018855	495	1.00	0.94
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	gcTGACtccag	13.148586	495	1.00	0.91
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANNNGN	gtctcTATccagc	2.776354	508	1.00	0.89
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNNMW	ccTGACtctt	9.018855	529	1.00	0.92
	AP1_Q2	RSTGACTNNMW	ccTGACtctt	9.018855	529	1.00	0.91
	BARBIE_Q1	ATNNAAGCNGRNGG	ccTgactCTTctct	32.363969	529	1.00	0.86
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ccTGACtctt	13.148586	529	1.00	0.88
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	ctcttctCTGGctcc	16.677521	534	1.00	0.85
	CP2_Q1	GCNMNAMCMAG	CTGGctccgc	3.245733	542	1.00	0.90
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	ctCCCGgggtcc	7.064136	546	1.00	0.88
	GFI1_Q1	NNNNNAAATCANNNGNNNN NNNN	gtccctctgagcGATTaaTgclac	3.669729	554	1.00	0.85
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	cagaGCTGgg	12.133646	590	1.00	0.87
	AP4_Q1	WGARYCAGCTGYGGNCK	glgctccaGCTGggcaa	178.524329	603	1.00	0.86
	RFX1_Q1	NNGTNRNNGRYAACNN	ctccagcggGCAAcTg	7.226828	607	1.00	0.89
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	tccaGCTGgg	18.281794	608	1.00	0.87
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	tccaGCTGgg	2.628244	608	1.00	0.96
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	lcCAGCtggg	18.281794	608	1.00	0.93
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	lcCAGCtggg	2.628244	608	1.00	0.94
	E47_Q1	NSNGCAGGTGKNCNN	clgggcaaCTGCctg	6.708124	613	1.00	0.87
	SREBP1_Q2	KATCACCCAC	glgggGTGAla	30.499284	682	1.00	1.00
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANNNGN	ggggIGATAgTcca	2.776354	684	1.00	0.91
	OLF1_Q1	NNCNANTCCYNGRGARN KGN	agcaCTCCcCclggcgTgiga	64.601270	697	1.00	0.89
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	gcaCTCCcCclgg	14.484154	698	1.00	0.87
	NRF2_Q1	ACCGGAAGNS	caCTTCCcct	6.109080	699	1.00	0.86
	AHRARNT_Q1	KNNKNNTYGGTGCMS	tccctgggCGTGiga	10.450429	703	1.00	0.85
	NPY_Q6	TRRCCAATSRN	clgCCAAIalt	6.200634	730	1.00	0.87
	CDP_Q1	CCAATAATCGAT	ccAATAAltgitt	147.430729	733	1.00	0.86
	GATA_C	NGATAAGNMNN	lgcIGTATCt	2.004465	744	1.00	0.93
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANNNGN	ggIGTATCtctgg	2.776354	745	1.00	0.98
	GFI1_Q1	NNNNNAAATCANNNGNNNN NNNN	gggaaggAAATCcttgcctggcct	3.669729	770	1.00	0.89
	CP2_Q1	GCNMNAMCMAG	CTGGgctgggc	3.245733	787	1.00	0.90
	RORA1_Q1	NWAWNNAGGTGAN	ggctgggGTCag	7.616084	807	1.00	0.85

Filtration	Site	Consensus	Sequence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	tgaggGTCagg	5.905504	810	1.00	0.88
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	tgaggGTCagg	5.905504	810	1.00	0.91
	NRF2_Q1	ACCGGAAGNS	ccTGGAAGag	6.109080	822	1.00	0.86
	E47_Q2	NNMRCAGGTGTTMNN	gcttcCAGGlgaggct	15.631450	832	1.00	0.86
	ATF_Q1	CNSTGACGTNNNYC	tgTGACgaaagcg	8.675151	860	1.00	0.92
	CREB_Q4	NSTGACGTMANN	ggTGACgaaagc	16.981467	861	1.00	0.94
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ggTGACgaaag	9.018855	861	1.00	0.92
	CREB_Q2	NSTGACGTAANN	ggTGACgaaagc	26.730221	861	1.00	0.95
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ggTGACgaaag	9.018855	861	1.00	0.95
	CHREBP1_Q2	NSTGACGTMASN	ggTGACgaaagc	22.127714	861	1.00	0.89
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ggTGACgaaag	13.148586	861	1.00	0.91
	CREB_Q1	TGACGTMA	TGACgaaa	4.176203	863	1.00	0.86
	AP4_Q1	WGARYCAGCTGYGNCNK	aagccccGCTGtcagc	178.524929	917	1.00	0.88
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	cccaGCTGtc	18.281794	922	1.00	0.97
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	ccCAGCgttc	18.281794	922	1.00	0.94
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cccaGCTGtc	2.628244	922	1.00	0.98
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ccCAGCgttc	2.628244	922	1.00	0.96
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	cagctGTCagc	5.905504	924	1.00	0.91
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	cagctGTCagc	5.905504	924	1.00	0.89
	GFI1_Q1	NNNNNAAATCANNNGNNNN NNNN	tgccagccAAATCagatgcaggag c	3.669729	955	1.00	0.90
	CAAT_Q1	NNNRCCAATSA	ggcagCCAAtca	4.415584	956	1.00	0.98
	NFY_C	NCTGATTGGYTASY	ggcagCCAATcaga	69.836703	956	1.00	0.96
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	cagCCAAtcag	6.200634	958	1.00	0.96
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	gacgGCTGcg	12.133646	976	1.00	0.86
	AP2_Q6	MKCCSCNCGGCG	gggctGGGGtt	7.064136	978	1.00	0.91
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	cccaTTGGttt	6.200634	995	1.00	0.95
	CAAT_Q1	NNNRCCAATSA	cccaTTGGttac	4.415684	996	1.00	0.91
	TATA_Q1	STATAAAWRRNNNNNN	ggagctctTTAtcg	7.166360	1025	1.00	0.86
	GATA_C	NGATAAGNNMNN	ccctTTATCg	2.004465	1029	1.00	0.92
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANNNGN	ctctTATCgagtg	2.776354	1030	1.00	0.93
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	agTGACtactg	9.018855	1040	1.00	0.93
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	agTGACtactg	13.148586	1040	1.00	0.93
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	agTGACtactg	9.018855	1040	1.00	0.94
	GFI1_Q1	NNNNNAAATCANNNGNNNN	ctcgctctAAATCagagctccagg	3.669729	1056	1.00	0.94

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	STAT1_01	NNNSANTTCGGGAANTGN SN	cagagctccaGGAAccctgc	155.094175	1067	1.00	0.85
	STAT_01	TTCCCRKAA	TTCCaggaa	6.281497	1073	1.00	0.95
	STAT_01	TTCCCRKAA	ltccaGAA	6.281497	1073	1.00	0.97
	GATA1_03	NNNNINGATAANNNGN	tgaggGATAaaggaa	2.776354	1090	1.00	0.95
	GATA_C	NGATAAGNNNN	gGATAAaggaa	2.004465	1094	1.00	0.94
	BARBIE_01	ATNMAAAGCNGRNGG	tcagAAAaggcagg	32.363969	1111	1.00	0.86
	NFKB_Q6	NGGGGAMTTCCNN	caGGAggtgccc	26.126380	1122	1.00	0.88
	NFKAPPAB_01	GGGAMITTYCC	GGGAggtgcc	9.285691	1124	1.00	0.93
	AP2_Q6	MKCCSCSCNGCG	tgCCCgcagccg	7.064136	1130	1.00	0.90
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	cgCAGCcga	12.133846	1134	1.00	0.86
	XBP1_01	NNGNTGACGTGKNNWT	gcaccgcACGTcttcag	21.302338	1141	1.00	0.85
	VMYB_01	AAYAACGGNN	gacCGTtgic	4.360548	1161	1.00	0.83
	ER_Q6	NNARGNNANNNTGACCYN	gaocgtgiccTGACctct	11.677290	1161	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ccTGAACcttc	2.792153	1170	1.00	0.90
	RORA1_01	NWAWNNAGGTGAN	ctGACCctctcgt	7.616064	1171	1.00	0.92
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	aagagaaggtgGCCAaga	1.651312	-1093	1.00	0.94
	DELTAEF1_01	NNCACCTNAN	agaAGGTggcc	0.830664	-1090	1.00	0.93
	CMYB_01	NNNNNGNCNGTTGNN	ggccaagagaGTTGcgt	0.187475	-1083	1.00	0.85
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	agtGGCgctgagaggg	1.651312	-1074	1.00	0.91
	MZF1_01	NGNGGGGA	tgGGGGa	-0.225601	-1035	1.00	0.99
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tgGGGAgaga	-1.019855	-1035	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	tgGGGGa	-0.225601	-1016	1.00	0.96
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tgGGGGAagg	-1.019855	-1016	1.00	0.89
	MZF1_01	NGNGGGGA	tgGGGGa	-0.225601	-1008	1.00	0.98
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tgGGGGAtraa	-1.019855	-1008	1.00	0.89
	MZF1_01	NGNGGGGA	caagGGGga	-0.225601	-989	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	caagGGGaaaat	-1.019855	-989	1.00	0.91
	DELTAEF1_01	NNCACCTNAN	glccACCTcac	0.830664	-987	1.00	0.96
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	caTGCGGaggag	-1.019855	-976	1.00	0.93
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	aaaaGCTGaa	0.302731	-960	1.00	0.88
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	cacaGGTGag	0.740149	-948	1.00	0.91
	DELTAEF1_01	NNCACCTNAN	cacAGGTgagt	0.830664	-948	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggccGGGGAgtg	-1.019855	-913	1.00	0.90

Similarité core >= 0,99
Similarité matrice >= 0,85

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	lagaGGAgagg	-1.019855	-898	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	lgggctcagGCCAatt	1.651312	-885	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cagtTCCGctaa	-1.019855	-857	1.00	0.91
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	cltTGGCtgcactaac	1.651312	-831	1.00	0.93
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	cltACCTtac	0.830684	-820	1.00	0.88
	NMYC_01	NNNCACGTGNNN	agctCGTGgoc	0.303606	-803	1.00	0.88
	CMYB_01	NNNNNGCNGTTGNN	algctcccccGTTGgoga	0.187475	-782	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	IgtTCCGglt	-1.019855	-781	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCCGlt	-0.225601	-777	1.00	0.96
	VIMYB_02	NSYAACGGN	ccCGTTggc	0.327098	-775	1.00	0.96
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	cgtTGGCgaactctatt	1.651312	-773	1.00	0.94
	GATA1_Q4	NNCWGATARNNNN	clattTATCctca	1.128924	-760	1.00	0.92
	GATA1_Q2	NNNNNGATANKGNN	clattTATCctcaa	1.132907	-760	1.00	0.89
	LMO2COM_02	NMGATANS	attTATCct	0.679593	-758	1.00	0.88
	CMYB_01	NNNNNGCNGTTGNN	gcccCAACGgcaalgcca	0.187475	-745	1.00	0.94
	VIMYB_02	NSYAACGGN	cccAACGgc	0.327098	-743	1.00	0.99
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	IgcACCTct	0.830684	-732	1.00	0.93
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ccgcGGGAGcgc	-1.019855	-720	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gcccTCCGcgc	-1.019855	-712	1.00	0.91
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCCAgc	0.667940	-708	1.00	0.99
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	adctTCCGcgc	-1.019855	-694	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCGgc	0.667940	-690	1.00	0.97
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ccCAGGcgc	0.302731	-688	1.00	0.86
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	caaaGCTGg	1.465487	-677	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	acgcTCCGattt	-1.019855	-660	1.00	0.91
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ltCAGctca	0.302731	-650	1.00	0.87
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	ctcACCTcca	0.830684	-645	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gagTGGGAAacg	-1.019855	-603	1.00	0.96
	VIMYB_02	NSYAACGGN	ggaAACGg	0.327098	-598	1.00	0.90
	S8_01	NNNNYAATTN	actaTAATggagact	-0.876808	-566	1.00	0.86
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	IgtTGGCccctccccc	1.651312	-544	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ccccTCCGcctc	-1.019855	-537	1.00	0.87
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCGctc	-0.225601	-533	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	glagTCCGagag	-1.019855	-434	1.00	0.96

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	lagaGGGAgcct	-1.019855	-410	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	gaggagcctgCCCAgcc	1.651312	-408	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	cccGGGGA	-0.225601	-391	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cccGGGGAagc	-1.019855	-391	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gaCAGCg999	1.465487	-385	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	agcgGGGAacaga	-1.019855	-382	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	agcGGGGA	-0.225601	-382	1.00	0.99
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cagaGGGAactc	-1.019855	-374	1.00	0.94
	CEBPB_01	RNRTKNNNGMAAKNN	aactcctGCAAttc	1.857489	-367	1.00	0.88
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	lgCAGCcggt	1.465487	-340	1.00	0.90
	ARNT_01	NNNNACGTGNNNNN	lalacaaCGTGgggag	0.305357	-330	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	cgIGGGGA	0.667940	-323	1.00	0.99
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cglgGGGAagca	-1.019855	-323	1.00	0.88
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tggtCCGcaaa	-1.019855	-308	1.00	0.89
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCcaaa	-0.225601	-304	1.00	0.96
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gaCAGCgag	0.302731	-296	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tcgtTCCGggag	-1.019855	-284	1.00	0.94
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccCGGA99gc	1.032772	-279	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gdcGGGAactg	-1.019855	-264	1.00	0.92
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	cggggaactccGCCAacc	1.651312	-252	1.00	0.87
	CEBPB_01	RNRTKNNNGMAAKNN	lgalgaGCAAgag	1.857489	-229	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggggTCCcttla	-1.019855	-211	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	glgaTCCGgtct	-1.019855	-172	1.00	0.93
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ctccTCCcttgg	-1.019855	-162	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	ccctGGCcgagcgagctc	1.651312	-156	1.00	0.92
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	cgagcgagcagGCCAglg	1.651312	-138	1.00	0.86
	CREB_Q2	NNGNTGACGYNN	lgagTGACgggc	0.972541	-122	1.00	0.88
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ggcgGCTGct	0.302731	-70	1.00	0.86
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	lgaaGCTTgag	0.830864	-64	1.00	0.85
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ctCAGCGcacc	0.302731	-45	1.00	0.87
	NKX25_01	TYAAGTG	cACTTgg	1.905547	-38	1.00	0.93
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	actTGGCtaagggcg	1.651312	-37	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggcTCCGtgcc	-1.019855	-18	1.00	0.90
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ggcTGGTgct	1.465487	-9	1.00	0.92

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	lgcIGCTGgg	0.302731	-6	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cggagGGAaggc	-1.019855	4	1.00	0.93
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	aagaGCTGcg	1.465487	19	1.00	0.93
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	ggaAGGTgaga	0.830684	37	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gagaGGGAagaa	-1.019855	56	1.00	0.93
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggccGGGAaggga	-1.019855	96	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gggaGGGAigca	-1.019855	100	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	aagtTCCCggg	-1.019855	111	1.00	0.91
	S8_01	NNNNYAAATTN	cccgggaATTAgggg	-0.676808	116	1.00	0.93
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cccGGGAatta	-1.019855	116	1.00	0.96
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	tccTCCGgt	1.032772	147	1.00	0.95
	CMYB_01	NNNNNGNCNGTTGNN	tcgglgaaGTTGaaga	0.187475	151	1.00	0.85
	CREB_02	NNGNTGACGYNN	algtTGACgaag	0.972541	159	1.00	0.93
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gaagGCTGa	0.302731	167	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	atctGGGAacct	-1.019855	209	1.00	0.93
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	acacACCTga	0.830664	241	1.00	0.96
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	caCACCTga	-0.175805	242	1.00	0.91
	VMYB_02	NSYAAACGGN	ccGTTTaga	0.327098	260	1.00	0.98
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gaactCCCccit	-1.019855	275	1.00	0.90
	MZF1_01	NGNGGGGA	tCCCCctt	-0.225601	279	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ccactCCCCccag	-1.019855	316	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	tCCCCcag	-0.225601	320	1.00	0.98
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	taagTCCGgtt	-1.019855	332	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gaggTCCcagtt	-1.019855	383	1.00	0.94
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	cagtTCCGgc	1.032772	390	1.00	0.93
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	ggtaACCTTta	0.830664	402	1.00	0.95
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	accttaGCAActt	1.857489	406	1.00	0.93
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	cagAGGTggac	0.830664	457	1.00	0.94
	GATA1_02	NNNNGATANKGNN	gtctTATCccagc	1.132807	508	1.00	0.92
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	gtctTATCccag	1.128924	508	1.00	0.90
	LMO2COM_02	NMGATANSG	cctTATCcc	0.679593	510	1.00	0.93
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tcctTCCcagcc	-1.019855	511	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tggcTCCcggg	-1.019855	543	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggggTCCctctg	-1.019855	551	1.00	0.81

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
	S8_01	NNNNYAATTN	tolgagcgATTaalgc	-0.676808	559	1.00	0.86
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	alaAGGTgagg	0.830664	578	1.00	0.97
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cagaGCTGgg	1.465487	590	1.00	0.91
	CMYB_01	NNNNNGNCNGTTGNN	tgggCAACtgcctgctc	0.187475	614	1.00	0.94
	NKX25_01	TYAAGTG	cACTTct	1.905547	670	1.00	0.88
	GATA1_02	NNNNNGATANKNN	ggggGATAgloca	1.132907	684	1.00	0.93
	GATA1_04	NNCWGATARNNN	gggtGATAgicca	1.128924	685	1.00	0.92
	LMO2COM_02	NMGATANS	gIGATAgic	0.679593	687	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	caetTCCcctgg	-1.019855	699	1.00	0.89
	NKX25_01	TYAAGTG	cACTTcc	1.905547	699	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCcgg	-0.225601	703	1.00	0.95
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNN	lgccagcaetGCCAata	1.651312	721	1.00	0.92
	GATA1_04	NNCWGATARNNN	gcgtTATCctcg	1.128924	745	1.00	0.95
	GATA1_02	NNNNNGATANKNN	gcgtTATCctcg	1.132807	745	1.00	0.92
	LMO2COM_02	NMGATANS	lggtTATCct	0.678593	747	1.00	0.94
	MZF1_01	NGNGGGGA	lgaGGGGa	-0.225601	766	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGGAWNN	lgagGGGAaagg	-1.019855	766	1.00	0.90
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNN	gccggcctggGCCAggc	1.651312	785	1.00	0.85
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNN	lccCAGGlgagg	0.773414	834	1.00	0.94
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	lccAGGTgagg	0.830664	835	1.00	0.98
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	lccaGGTGag	0.740149	835	1.00	0.90
	CREB_02	NNGNTGACGYNN	clggTGACgaag	0.972541	859	1.00	0.84
	IK2_01	NNNYGGGAWNN	lccgTCCcggga	-1.019855	886	1.00	0.89
	NKX25_01	TYAAGTG	lAAGTc	1.905547	915	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNN	laagTCCcagc	-1.019855	916	1.00	0.90
	MZF1_01	NGNGGGGA	lCCCCagc	0.667940	920	1.00	0.97
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	glCAGCctcg	0.302731	929	1.00	0.86
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNN	cagtcctggcaGCCAalc	1.651312	949	1.00	0.92
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNN	lccTGcagcaatcaga	1.651312	952	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gaagGCTGag	1.465487	976	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNN	gggcTCCcagc	-1.019855	990	1.00	0.94
	GATA1_04	NNCWGATARNNN	ccttTATCgagc	1.128924	1030	1.00	0.92
	GATA1_02	NNNNNGATANKNN	ccttTATCgagc	1.132907	1030	1.00	0.92
	LMO2COM_02	NMGATANS	ccttTATCga	0.679593	1032	1.00	0.95

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	S8_01	NNNNYAATTN	gctCTAATcagagctt	-0.676808	1059	1.00	0.85
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	clgcGCTGlg	0.302731	1084	1.00	0.87
	IK2_01	NNNYGGAWNNN	clgGGGAlaaa	-1.019855	1089	1.00	0.95
	GATA1_02	NNNNGATANKNN	tgaggGATAaagga	1.132907	1090	1.00	0.93
	GATA1_04	NNCWGATARNNN	glggGATAaagga	1.128924	1091	1.00	0.93
	LMO2COM_02	NMGATANS	ggGATAaag	0.679593	1093	1.00	0.93
	CMYB_01	NNNNNGNCNCTGNN	ggggcagggaGTTGcccg	0.187475	1118	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGAWNNN	ggcaGGGagltg	-1.019855	1120	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cgCAGCCgca	1.465487	1134	1.00	0.90
	ARNT_01	NNNNCACGTGNNNNN	cacgcCACGctcag	0.305357	1142	1.00	0.86
	CMYB_01	NNNNNGNCNCTGNN	cagcccgaccGTTGtct	0.187475	1155	1.00	0.93
	VMYB_02	NSYAACGGN	acCGTTglt	0.327098	1162	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGAWNNN	tggtTCCGgtcc	-1.019855	1179	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGAWNNN	cccgTCCGcgtc	-1.019855	1184	1.00	0.87
	MZF1_01	NGNGGGGA	lCCCGtgc	-0.225601	1188	1.00	0.95
	HNF3B_01	NNNTRTTRYTY	cltGTTTlglac	3.978804	-1106	0.99	0.84
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	cgltGATGag	2.474120	-1068	0.93	0.85
	USF_Q6	GYCACGTGNC	gcACAGgtg	5.390268	-950	0.86	0.87
	E47_01	NSNGCAGGTGKNCNN	gcACAGgtgagltct	6.708124	-950	0.83	0.86
	USF_Q6	GYCACGTGNC	cacaGGTcag	10.960075	-948	0.82	0.87
	USF_C	NCACGTGN	acAGGTGa	0.301857	-947	0.86	0.92
aucune (Paramètres par défaut de MatInspector)	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ggctTCCCTgg	1.032772	-883	0.93	0.95
	CAAT_01	NNRRCCAATSA	ccggCCAAtlg	4.415584	-878	0.86	0.86
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	cagTTCCctcaaat	1.857489	-857	0.87	0.86
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	gcCCCCcaatgag	7.064136	-843	0.98	0.86
	USF_C	NCACGTGN	lCTCGTgg	0.301857	-801	0.81	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccTGGAGtgc	1.032772	-787	0.85	0.92
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	caccTCCtgc	1.032772	-729	0.93	0.92
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	caccTCCAgtc	1.032772	-642	0.85	0.89
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	tlctTCCAga	1.032772	-611	0.85	0.90
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	ggTTTCctcaaaa	1.857489	-591	0.99	0.88
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	glTTTCCtcaaat	1.857489	-590	0.87	0.90
	GC_01	NRGGGGCGGGGCK	ggccccCTCCccct	15.933816	-540	0.88	0.91
	SP1_Q6	NGGGGGCGGGGYN	ggccccCTCCccct	11.119144	-539	0.84	0.93

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccccTCTgc	1.032772	-531	0.93	0.87
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	agCCCCggggac	7.064136	-394	0.98	0.86
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	agccccGGGac	7.064136	-394	0.98	0.88
	RFX1_Q2	NNGTNRNRRGYAACNN	cgggacacagGGAActc	7.228454	-380	0.88	0.90
	NFKAPPAB65_01	GGGRATTTC	GGGAactct	14.122479	-370	0.83	0.89
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gaacTCTgc	2.674616	-368	0.93	0.85
	VMYB_Q1	AAYAACGGNN	gccGGTTata	4.360548	-336	0.81	0.86
	TATA_Q1	STATAAAWRRNNNNNN	llaTACAacgtgggg	7.166360	-331	0.80	0.86
	LYF1_Q1	TTGGGAGR	clCCCcaaa	7.208594	-305	0.82	0.85
	CEBPB_Q1	RNRTKNNGMAAKNN	ccllaaGAAAccc	1.857489	-205	0.99	0.89
	PADS_C	NGTGGTCTC	lGTGATccc	4.266174	-173	0.90	0.86
	CAAT_Q1	NNNRCCAATSA	gcaggCCAGlga	4.415584	-131	0.85	0.90
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ggccAGTGag	5.390268	-128	0.86	0.89
	AP1_C	NTGASTCAN	GTGAGTGAC	1.751881	-123	0.85	0.87
	AP1_C	NTGASTCAN	GTGAGTGAC	1.751881	-123	0.86	0.86
	NFKAPPAB_Q1	GGGAMTTYCC	GGGGcglgcc	9.285691	-81	0.90	0.87
	USF_Q6	GYCACGTGNC	cgCACTlggc	5.380268	-40	0.86	0.89
	USF_C	NCACGTGN	gCACTlgg	0.301857	-39	0.84	0.91
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccTGGaggt	1.032772	34	0.85	0.88
	RFX1_Q1	NNGTNRNRRGYAACNN	aagTTCcCclggaaalia	7.226828	111	0.88	0.89
	CLOX_Q1	NNATCGATTANYNW	lgaATTGatcaclga	81.878936	173	0.87	0.89
	CDP_Q2	NWNAATCGATTANYNN	lgaATTGatcaclga	37.346724	173	0.85	0.89
	LMO2COM_Q1	SNNCAGGTGNNN	ggacaTCTGgga	0.773414	205	0.82	0.90
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	gaCATClggg	-0.175805	206	0.92	0.89
	USF_C	NCACGTGN	aCACCTgc	0.301857	243	0.86	0.92
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	agCCCCcclggcc	7.064136	251	0.98	0.88
	CMYB_Q1	NNNNNNCNGTTGNN	ccccclggccGTTAgaac	0.187475	253	0.84	0.85
	CETS1P54_Q1	NCMGGAWGYN	gaacTCTgc	2.674616	267	0.93	0.85
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	clCCCCcllgcc	7.064136	278	0.98	0.86
	CEBPB_Q1	RNRTKNNGMAAKNN	aaatgaGAAActg	1.857489	299	0.99	0.92
	VMYB_Q1	AAYAACGGNN	agaAActgag	4.360548	305	0.88	0.87
	CEBPB_Q1	RNRTKNNGMAAKNN	gcllgatGTAaagg	1.857489	340	0.93	0.89
	CEBPB_Q1	RNRTKNNGMAAKNN	alglaaaGGAaaga	1.857489	345	0.87	0.86
	CEBPB_Q1	RNRTKNNGMAAKNN	ccccggcGTAagg	1.857489	360	0.93	0.88

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	aacTTCCTgc	1.032772	415	0.93	0.96
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ctccaTCTGtgt	0.773414	445	0.82	0.90
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	tcCATCTgtg	-0.175905	446	0.92	0.91
	AP1_C	NTGASTCAN	ctGTGTCAg	1.751881	451	0.86	0.86
	CLOX_01	NNATCGATTANYNW	aaaATAGatcaggaa	81.978936	478	0.81	0.85
	CDP_02	NWNATCGATTANYNN	aaaATAGatcaggaa	37.346724	478	0.81	0.88
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	tcAGGAatcg	1.032772	486	0.93	0.88
	GATA_C	NGATAAGNMNN	agtcTATCcc	2.004465	507	0.89	0.92
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	tgGGCAgagctg	15.933816	584	0.81	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	lgccTCCAgc	1.032772	604	0.85	0.89
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ctccaGCTGggc	0.773414	607	0.88	0.94
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ctcCAGctgggc	0.773414	607	0.88	0.93
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	tcCAGctggg	1.656102	608	0.92	0.90
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	tccaGCTggg	1.656102	608	0.92	0.90
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	gggcaACTGcct	0.773414	615	0.80	0.91
	VMYB_01	AAYAACGGNN	ggcAACTgoc	4.360548	616	0.88	0.86
	VMYB_02	NSYAACGGN	ggcAACTgc	0.327098	616	0.82	0.89
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	ggCAAClgcc	-0.175805	616	0.87	0.97
	GATA_C	NGATAAGNMNN	tGATAGtccag	2.004465	688	0.89	0.88
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	ttCCCClgggcg	7.064136	702	0.98	0.88
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ggcgTGTGaa	5.390268	710	0.86	0.87
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	glgTGAAatgccc	22.328386	713	0.80	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	aalgTCCAgc	1.032772	719	0.85	0.86
	OCT1_02	NNGAATATKANNIN	gccaaIATTGtgtc	11.885447	732	0.98	0.91
	CDPCR3_01	CACCRATANNTATNG	CAATattcgtgctg	92.378088	734	0.97	0.86
	VMYB_01	AAYAACGGNN	lgcTGTtalc	4.360548	744	0.82	0.89
	STAT_01	TTCCCRKAA	tcggAGAA	6.281497	754	0.81	0.88
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gcAGGagcct	1.032772	801	0.93	0.90
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	aggcggGGGtlc	7.064136	806	0.98	0.85
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	tcAGGacacg	1.032772	816	0.93	0.87
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	cctTGAagag	1.032772	822	0.85	0.89
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ggcTCCAgg	1.032772	831	0.85	0.92
	USF_Q6	GYCACGTGNC	tccaGGTgag	10.960075	835	0.82	0.86
	USF_C	NCACGTGN	ccAGGTGa	0.301857	836	0.86	0.92

Filtration	Site	Consensus	Séquence	Z score	Position/TSS (pb)	Similarité du core matrice	Similarité de la matrice
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	ttggGGTggagcc	11.119144	847	0.82	0.87
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	ttggGGTggagcct	15.933816	847	0.87	0.91
	USF_Q6	GYCAGCTGNC	gcttGGTGac	5.390288	857	0.82	0.90
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	tggtgacGAAAgcg	1.857489	860	0.99	0.91
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	ccccaGCTGtca	32.908282	921	0.83	0.86
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ccccaGCTGtca	2.232288	921	0.88	0.92
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	cccCAGCtGtca	0.773414	921	0.88	0.93
	MYOD_Q6	NNCANCCTGNY	ccCAGCtGtC	1.656102	922	0.92	0.98
	MYOD_Q6	NNCANCCTGNY	cccaGCTGtC	1.656102	922	0.92	0.89
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	aaiCAGAtgoga	0.773414	963	0.82	0.89
	MYOD_Q6	NNCANCCTGNY	atcaGATGcg	-0.175805	964	0.92	0.94
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	ggTTACTccacc	1.857489	1001	0.93	0.90
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	ttactCACCCctg	15.933816	1004	0.87	0.87
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	ttactCACCCctg	11.119144	1005	0.82	0.85
	USF_Q6	GYCAGCTGNC	atcgAGTGac	5.390268	1036	0.86	0.88
	HNF3B_01	NNNTRTTRYTY	ttctTGTtgcct	3.978804	1046	0.99	0.92
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	agcTCCAgg	1.032772	1070	0.85	0.92
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccAGGAacc	1.032772	1075	0.93	0.89
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	ggataaaGGAAtga	1.857489	1094	0.87	0.89
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	aggttcaGAAAggg	1.857489	1107	0.99	0.94
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	aaggGGCAggggt	15.933816	1116	0.81	0.85
	NFKB_C	NGGGACTTTCCA	aGGGAGtggcc	42.313772	1123	0.88	0.90

Tableau 2 : Sites, scores, consensus, et positions par rapport au point d'initiation de la transcription (TSS) prédits par les logiciels NNPP, TSSG et TSSW chez la souris

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
Analyse comparative entre espèces	GF11_01	NOMNNNAATCANNGNNNNNNNNNN	ttgcclacAATCaggaacclatt	2.393233	-842	1.00	0.88
	HNF3B_01	NNNTRITRTTY	aacTATTgattc	2.928849	-825	1.00	0.85
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	tgattcGAAattg	1.460836	-767	0.99	0.94
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	atgTTGClaaaaag	1.460836	-760	1.00	0.91
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNNCCNNN	ttcTGGCtggggcagga	2.199282	-688	1.00	0.88
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	caCAGCagtg	14.114396	-386	1.00	0.87
	NFKAPPAB_01	GGAGCTGCC	ggagGCTGcc	11.12	-301	1.00	0.88
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	cttCCAAtgcc	5.187369	-156	1.00	0.89
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	aaaaAACAAaaa	56.365713	-1211	1.00	0.94
	SRY_02	NWWAACAANNN	aaaaACAAaaac	7.964442	-1209	1.00	0.94
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	acaaaACAAaaa	56.365713	-1205	1.00	0.87
	SRY_02	NWWAACAANNN	aaaaACAAaaca	3.860390	-1203	1.00	0.95
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	acaaaACAAaaa	28.165128	-1200	1.00	0.89
	SRY_02	NWWAACAANNN	caaaACAAaaac	3.860390	-1198	1.00	0.94
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	acaaaACAAaaa	56.365713	-1194	1.00	0.87
score Z >= 1,96	SRY_02	NWWAACAANNN	aaaaACAAaaac	7.964442	-1192	1.00	0.94
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	acaaaACAAaala	28.165128	-1188	1.00	0.91
	HFH1_01	NAWTGTTTATWT	acaaaAACaala	28.078407	-1188	1.00	0.87
	SRY_02	NWWAACAANNN	aaaaACAAlaaa	3.860390	-1186	1.00	0.98
	TATA_01	STATAAAWRNNNNNN	caaTAAaaccicig	3.065815	-1181	1.00	0.89
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNNCCNNN	gttTGGCggtgagggagg	2.199282	-1140	1.00	0.93
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	aggTGCaaagccct	20.432681	-1104	1.00	0.85
	SRY_02	NWWAACAANNN	ctgcACAAaagt	3.860390	-1093	1.00	0.85
	LYF1_01	TTTGGGAGR	ftaGGGaga	7.842719	-1082	1.00	0.90
	E2F_02	TTTSGCG	gcggGAAA	3.646279	-1071	1.00	0.91
	GATA1_03	NNNNNGATAANNNGN	ttgaGATAgatcg	2.031644	-1042	1.00	0.88
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	gataGATCgic	2.348950	-1037	1.00	0.87
	NFE2_01	TGCTGATCAY	ggCTGAtcic	21.950203	-1009	1.00	0.87
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	atcTGCaaaaccc	20.432681	-969	1.00	0.86
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNNCCNNN	aactcacgttGCCAggg	2.199282	-938	1.00	0.85

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	SRY_02	NWWAACAAWANN	tgcttTGTgaag	3.860300	-897	1.00	0.85
	HFH1_01	NAWTGTTTATWT	aaataAAACoagt	28.079407	-888	1.00	0.86
	POLY_C	CAATAAANGCNYKCTN	aaATAAACcagttttt	177.289419	-888	1.00	0.86
	ISRE_01	CAGTTTCWCTTYGC	caGTTTTtttttcc	384.173186	-880	1.00	0.86
	TAL1BETA47_01	NNAACAGATGKTNNN	ggagacaTCTGagaat	15.998313	-859	1.00	0.85
	GFH1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNNNNN	catlgagAACTCilgcclacaalc	2.393233	-854	1.00	0.86
	SRY_02	NWWAACAAWANN	gccAACAAicca	3.860390	-840	1.00	0.85
	RFX1_01	NGGTNRCCNRGYAACNN	tacaatccagGCAVcia	7.172878	-837	1.00	0.87
	GFH1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNNNNN	caggcaactatGATTclaatctt	2.393233	-830	1.00	0.89
	GFH1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNNNNN	tgatcaAAATCtgggatalgg	2.393233	-820	1.00	0.89
	GATA1_03	NNNNNGATAANNNGN	ctlagGATAilggg	2.031644	-809	1.00	0.90
	NFY_Q6	TRRCAATSRN	gataTTGgct	5.187369	-804	1.00	0.88
	GFH1_01	NNNNNAAATCANNNGNNNNNNN	gggctgcacccGATTclgaatt	2.393233	-798	1.00	0.89
	E47_02	NNMRCAGGTGTTMNN	gctgcaCCTGatct	15.432640	-796	1.00	0.88
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	tgccaCCTGalt	3.041567	-794	1.00	0.93
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	lgccaCCTGalt	40.698075	-794	1.00	0.92
	SRY_02	NWWAACAAWANN	gaatTTGTctag	3.860390	-780	1.00	0.87
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWTT	glacaattCTGGctgg	16.434630	-684	1.00	0.85
	CP2_01	GCNNMAMCAG	CTGGelgggg	3.137246	-686	1.00	0.88
	GATA1_03	NNNNNGATAANNNGN	cacagGATAcagaag	2.031644	-665	1.00	0.88
	SRY_02	NWWAACAAWANN	ggalACAagagac	3.860380	-661	1.00	0.85
	NRF2_01	ACCGGAAGNS	accTTCCgac	6.701850	-640	1.00	0.87
	ER_Q6	NNARGNNANNNTGACCYN	aaatgicctcTGACclcc	10.374054	-573	1.00	0.89
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	tcTGACctcca	5.142253	-564	1.00	0.90
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	tcTGACctcca	5.142253	-564	1.00	0.86
	RORA1_01	NWAWNNAGGTCA	ctGACCctccacag	5.437913	-563	1.00	0.93
	GATA1_03	NNNNNGATAANNNGN	ccacaGATAlgcca	2.031644	-556	1.00	0.87
	OCT1_06	CWNWTKWSATRYN	agatagccaATGCa	8.438384	-552	1.00	0.85
	OCT_C	CTNATTTGCATAY	alaagCAAAATlaa	70.265881	-520	1.00	0.88
	NKX25_02	CWTAATTG	aaATTaat	3.983418	-514	1.00	0.86
	TST1_01	NKGAWTWANNTNN	aaTAATTaaatlla	4.120840	-513	1.00	0.87
	NKX25_02	CWTAATTG	aitTAATla	3.983418	-512	1.00	0.87
	NKX25_02	CWTAATTG	laATTAAa	3.983418	-510	1.00	0.87
	SRY_02	NWWAACAAWANN	aaaaACAAaggt	3.860390	-499	1.00	0.93

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	tgTGGCacagccitla	2.19282	-481	1.00	0.85
	AHRARNT_01	KNKNNTYCGTGCMS	gcaCACGciltatc	14.600483	-476	1.00	0.86
	GF1_01	NNNNNAATCANNGNNNNNN	acgccttAAATCcagacactcagg	2.393233	-472	1.00	0.91
	GF1_01	NNNNNAATCANNGNNNNNN	ggctlaagcagTGAATTiccaggcc	2.393233	-413	1.00	0.97
	NKX25_02	CWTAATTG	aaATTAAa	3.983418	-363	1.00	0.86
	LYF1_01	TTTGGGAGR	tggGGGaga	7.842719	-333	1.00	0.89
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	tggggagcGCCAttt	2.199282	-305	1.00	0.88
	NFKB_Q6	NGGGGAMTTCCNN	tggGGAgcTgcat	30.087903	-303	1.00	0.87
	NFKAPPAB_01	GGGAMTTYCC	GGGAgcTgccc	10.381187	-301	1.00	0.88
	ER_Q6	NNARGNNANNTGACCYNN	gaactacagTGAACcagt	10.374054	-279	1.00	0.86
	E47_02	NNNNRCAGGTGTTMNN	actbaCAGGtgaccgg	15.432640	-277	1.00	0.90
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	tcaCAGGtgacc	3.041567	-275	1.00	0.94
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	tcaCAGGtgacc	40.698075	-275	1.00	0.89
	SREBP1_01	NATCAGTGAY	caacgGTGAacc	15.355630	-274	1.00	0.86
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ggTGAACcagtt	11.246183	-270	1.00	0.86
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ggTGAACcagtt	7.895015	-270	1.00	0.91
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ggTGAACcagtt	7.895015	-270	1.00	0.93
	VMYB_01	AAYAACGNN	accCGTTgic	3.427439	-266	1.00	0.93
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	glccagtgaaGCCAaac	2.199282	-242	1.00	0.90
	PADS_C	NGTGTCTC	IGTGTccc	5.230232	-169	1.00	0.89
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	tggTccCGCCtctct	35.805311	-167	1.00	0.87
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	ggTccCGCCtctct	25.529462	-166	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNNCCNN	caaTGGCaaagtgccctg	2.199282	-152	1.00	0.85
	E47_02	NNMRCAGGTGTTMNN	agtagCAGGtgcaala	15.432640	-134	1.00	0.92
	E47_01	NSNGCAGGTGKNCNN	glagCAGGtgcaala	9.748242	-133	1.00	0.88
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	tagCAGGtgcaaa	3.041567	-132	1.00	0.96
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	tagCAGGtgcaaa	40.698075	-132	1.00	0.86
	CHOP_01	NNRTGCAATMCCC	aggTGAaalatcc	20.432881	-128	1.00	0.96
	CAAT_01	NNNRCCAATSA	aalalCCAAtag	3.434507	-122	1.00	0.90
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	laTCCAAtagt	5.187369	-120	1.00	0.92
	GC_01	NRGGGCGGGGCK	agggGGCGgggctg	35.805311	-103	1.00	1.00
	SP1_Q6	NRGGGCGGGGYN	agggGGCGgggct	25.529462	-103	1.00	0.89
	BARBIE_01	ATNNAAGCNGRNGG	aggAAAAGtggaagg	29.462018	6	1.00	0.91
	NKX25_01	TYAAGTG	gaAAAGTG	3.534570	9	1.00	0.88

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	VMB_01	AATACGGNN	cagAACGgtg	3.427439	34	1.00	0.90
	GFI_01	NNNNNAATCAANNNNNNNN	gglgagaaATcccgagagggtg	2.393233	40	1.00	0.90
	NFKB_Q6	NGGGGAMTTCCNN	lgagaaaTCCcCcg	30.067903	42	1.00	0.86
	ZID_01	NGGCTCYATCAYC	gaaggTGAGCct	41.225196	64	1.00	0.91
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWT	cggagatCTGGggat	16.434630	75	1.00	0.88
	SREBP1_02	KATCACCCAC	gtggGTGAgg	27.710802	94	1.00	0.94
	NFE2_01	TGCTGASTCAY	ggCTGAgccac	21.950203	108	1.00	0.87
	USF_Q6	GYCACGTGNC	gcCACGltcc	6.857788	114	1.00	0.87
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	caagtTCCGtgat	14.853568	116	1.00	0.88
	GATA1_03	NNNNGATAANNNG	tcctGATAatltg	2.031644	121	1.00	0.93
	NKX25_02	CWTAATTG	gaTAAAttl	3.983418	126	1.00	0.86
	E47_02	NNMRCAGGTGTTMNN	ggltcCAGGlgcclac	15.432640	136	1.00	0.87
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	ltcCAGGltcct	3.041567	138	1.00	0.96
	MYOD_01	SRACAGGTGKYG	ltcCAGGltcct	40.698075	138	1.00	0.86
	GATA1_03	NNNNGATAANNNG	ltcctTATCcltcc	2.031644	164	1.00	0.95
	NRF2_01	ACCGGAAGNS	lccTTCCggg	6.701850	171	1.00	0.91
	STAF_02	MNTCCGCAKMATKMWNGC	cltccgggaggtGGGcaaaa	341.255924	173	1.00	0.86
	IK1_01	NNNTGGGAATRC	glgtGGGAaaaat	14.853568	183	1.00	0.92
	LYF1_01	TTTGGGAGR	lgTGGGAaa	7.842719	184	1.00	0.86
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	caCAGCGgtc	14.114396	210	1.00	0.90
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	cagcgGTCAlc	5.142253	212	1.00	0.88
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	cagcgGTCAlc	5.142253	212	1.00	0.90
	TAL1BETA47_01	NNNAACAGATGKTNNN	ggggicaTCTGgtcac	48.119467	214	1.00	0.89
	TAL1ALPHA47_01	NNNAACAGATGKTNNN	ggggicaTCTGgtcac	48.119467	214	1.00	0.88
	TAL1BETA1F2_01	NNNAACAGATGKTNNN	ggggicaTCTGgtcac	48.119467	214	1.00	0.88
	TH1E47_01	NNNNGNRTCTGGMWT	ggggicaTCTGgtcac	16.434630	214	1.00	0.88
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	atcigGTCAcc	7.895015	220	1.00	0.93
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	atcigGTCAcc	11.248163	220	1.00	0.86
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	atcigGTCAcc	7.895015	220	1.00	0.90
	ER_Q6	NNARGNNANNITGACCYN	tcgGTCAcctagggagac	10.374054	221	1.00	0.86
	NFI_Q6	NNTTGGCANNNNCCNN	gagggacctGcCAacc	2.199282	233	1.00	0.95
	NKX25_01	TYAAGTG	cACTTtc	3.534570	267	1.00	0.88
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ggcctGTCAcc	5.142253	281	1.00	0.91

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ggcclGTCAcc	5.142253	281	1.00	0.88
	SREBP1_Q2	KATCACCCAC	lgTCAcCCCC	27.710802	285	1.00	0.87
	TH1E47_Q1	NNNNNRCTCTGGMWTT	ccccCCAgaicbaaa	16.434630	297	1.00	0.86
	IRF1_Q1	SNAAGYGAAACC	aaTTTCacitlat	81.006772	311	1.00	0.87
	IRF2_Q1	GAAAGYGAASY	aaTTTCacitlat	59.661305	311	1.00	0.85
	NF1_Q6	NNTTGGCINNINNCNN	gaglggaagccGCAait	2.199282	341	1.00	0.93
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	cgcCCAAltc	5.187369	350	1.00	0.89
	OCT1_Q6	NNNNATGCAATNAN	ccaATTTTcaitlag	11.430842	353	1.00	0.87
	OCT1_Q6	CWNAWTKWSATRYN	ccaaitccaATGfa	8.438364	353	1.00	0.92
	OCT1_Q7	TNTATGNTAATT	AAATTtcaitla	27.046261	355	1.00	0.83
	CEBP_C	NGWNTKNGYAAKNAY	aaactllgGCAATitcc	23.615437	374	1.00	0.86
	NF1_Q6	NNTTGGCINNINNCNN	citTGGCaaitccctct	2.198292	377	1.00	0.95
	NFKAPPAB65_Q1	GGGRATTTC	ggcaatTTCC	30.669184	381	1.00	0.86
	CREL_Q1	SGGRNWTTC	ggcaatTTCC	7.203414	381	1.00	0.86
	NFKAPPAB_Q1	GGGAMTTYCC	gcaatTTCC	10.361187	382	1.00	0.85
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	caaitTCCClc	14.853568	383	1.00	0.86
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	tctcGTCAgc	11.246163	392	1.00	0.90
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	tctcGTCAgc	7.895015	392	1.00	0.95
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	tctcGTCAgc	7.895015	392	1.00	0.95
	ISRE_Q1	CAGTTTCWCTTTYCC	caGTTTccclacgg	384.173196	405	1.00	0.85
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	caglitTCCClc	14.863568	405	1.00	0.87
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANN	lticcTATCgglat	2.031644	409	1.00	0.91
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANN	atcggTATCaigaa	2.031644	415	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCINNINNCNN	tcaigaagcagGCCAcag	2.199282	422	1.00	0.86
	TATA_Q1	STATAAAWRNNNNN	aaaTAAaiaaagaa	3.965515	458	1.00	0.85
	GFI1_Q1	NNNNNAAATCANNNGNNNNNN	aalaacgaAATCaggaalggcglg	2.393233	464	1.00	0.92
	VMYB_Q1	AAYAACGGNN	aaIAACGaaa	3.427439	464	1.00	0.05
	AHRARNT_Q1	KNNKNNTYGGTGCM	caggaalggCGTGctc	14.600483	475	1.00	0.93
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ccTGAClccic	11.246163	503	1.00	0.89
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ccTGAClccic	7.895015	503	1.00	0.90
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ccTGAClccic	7.895015	503	1.00	0.93
	BARBIE_Q1	ATNNAAGCNGRNGG	taccclcCTTTlgac	29.452018	532	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ltTGAClccgg	7.895015	541	1.00	0.90
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ltTGAClccgg	7.895015	541	1.00	0.88

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ttTGACtcegg	11.246163	641	1.00	0.88
	GC_Q1	NRGGGCGGGGCK	ggagGCGGggccct	35.805311	550	1.00	0.91
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	ggagGCGGggccc	25.529482	550	1.00	0.93
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	cttctctCTGGtltc	16.434630	555	1.00	0.86
	AHRARNT_Q1	KNNKNNTYGCCTGCMSS	ccttggagCGTGact	14.600483	580	1.00	0.86
	LYF1_Q1	TTTGGGAGR	ctGGGAgc	7.842719	581	1.00	0.86
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	cgTGACtlitgc	7.895015	589	1.00	0.92
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	cgTGACtlitgc	7.895015	589	1.00	0.89
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	cgTGACtlitgc	11.246163	589	1.00	0.89
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	tcagTCCCalct	14.853568	613	1.00	0.88
	E47_Q1	NSNGCAGGTGKCN	aaggccagCTGCaaa	9.748242	638	1.00	0.89
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	gcCAGCtgc	21.241746	641	1.00	0.91
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gcCAGCtgc	3.080778	641	1.00	0.94
	AP4_Q6	CWCAGCTGNN	gccaGCTGca	21.241746	641	1.00	0.94
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gccaGCTGca	3.080778	641	1.00	0.95
	OC11_Q6	NNNNATGCAATNAN	ccagctgcaAAATgac	11.430842	642	1.00	0.88
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	aaTGACacaga	7.895015	651	1.00	0.94
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	aaTGACacaga	7.895015	651	1.00	0.94
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	aaTGACacaga	11.246163	651	1.00	0.91
	E47_Q2	NNNMRCAGGTGTTMNN	ggggccaCCTGggg	15.432640	677	1.00	0.88
	LMO2COM_Q1	SNACAGGTGNN	ggccaCCTGggg	3.041567	679	1.00	0.98
	MYOD_Q1	SRACAGGTGKYG	ggccaCCTGggg	40.698075	679	1.00	0.89
	VIMYB_Q1	AAYAACGGNN	ggAACGgaa	3.427439	690	1.00	0.91
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	acccggCTGGlatg	16.434630	705	1.00	0.90
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	gcTGACcglgg	5.142253	723	1.00	0.89
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	gcTGACcglgg	5.142253	723	1.00	0.88
	ZID_Q1	NGGCTCYATCAYC	gaccgigGAGCcc	41.225196	726	1.00	0.89
	BARBIE_Q1	ATNNAAGCNRNGG	ccccaagCTTTaaac	29.452018	750	1.00	0.92
	GC_Q1	NRGGGCGGGGCK	aagctcGCCccct	35.805311	787	1.00	0.97
	SP1_Q6	NGGGGCGGGGYN	agctcGCCccct	25.529482	788	1.00	0.95
	CREL_Q1	SGGRNWTTC	aggglcTTCC	3.467658	793	1.00	0.92
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	tcICCAgacccagc	16.434630	797	1.00	0.94
	CDP_Q2	NWNATCGATTANN	gcctbaICGATagc	24.123980	811	1.00	0.91
	CLOX_Q1	NNTATCGATTANN	gcctbaICGATagc	50.240668	811	1.00	0.90

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	GATA1_Q3	NNNNNGATAANNNGN	tcatGATAgccct	2.031644	815	1.00	0.88
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	lagccctccaGCCAalc	2.198282	822	1.00	0.93
	NR2_Q1	ACCGGAAGNS	cccTTCCagc	6.701850	825	1.00	0.85
	GF1_Q1	NNNNNAAATCANNNNNNNNN	ttccagccaATCagtlacagggac	2.393233	828	1.00	0.88
	NFY_C	NCTGATTGGYTASY	lccagCCAATCagc	65.593286	829	1.00	0.86
	CAAT_Q1	NNNRCCAATSA	lccagCCAAlca	3.434507	829	1.00	0.99
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	cagCCAAlcag	5.187369	831	1.00	0.96
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	gagGCTGcg	14.114396	849	1.00	0.86
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	cgggTCCGallg	14.853568	862	1.00	0.91
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	ccaTTGtca	5.187369	868	1.00	0.95
	CAAT_Q1	NNNRCCAATSA	ccaTTGGicact	3.434507	869	1.00	0.91
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	callgGTCAct	7.895015	870	1.00	0.94
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	callgGTCAct	11.246163	870	1.00	0.91
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	callgGTCAct	7.895015	870	1.00	0.91
	OLF1_Q1	NNCANTCCYNGRGARNKGN	glcaetTCCGaglaallct	77.977123	875	1.00	0.86
	IK1_Q1	NNNTGGGAATRC	lccatTCCClagt	14.853568	876	1.00	0.87
	SRY_Q2	NWWAACAAWANN	lgccTTGtlgc	3.860390	905	1.00	0.89
	GF1_Q1	NNNNNAAATCANNNNNNNNN	clctlgcgggaGATTatlgagg	2.353233	921	1.00	0.88
	TATA_Q1	STATAAAWRNNNNNN	gggggagTTTaltg	3.965815	927	1.00	0.85
	AP2_Q6	MKCCSCNGCG	gaCCCGcagaca	12.284970	978	1.00	0.86
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	acattlgCTGagcc	16.434630	987	1.00	0.89
	NF1_Q6	NNTTGGCNNNNCCNNN	atfigicgaGCCAac	2.198282	989	1.00	0.86
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	caCAGCltac	14.114396	1004	1.00	0.88
	AP4_Q6	CWCAGCTGGN	clccGCTGlt	14.114396	1040	1.00	0.85
	TH1E47_Q1	NNNNGNRTCTGGMWTT	cggICCAgagltca	16.434630	1052	1.00	0.86
	VMAF_Q1	NNNTGCTGACTCAGCANNN	cggltcagaGTCAcaltg	168.513881	1052	1.00	0.87
	AP1_Q2	RSTGACTNMNW	ccagaGTCAlc	7.895015	1056	1.00	0.93
	AP1_Q4	RSTGACTMANN	ccagaGTCAlc	11.246163	1056	1.00	0.90
	AP1FJ_Q2	RSTGACTNMNW	ccagaGTCAlc	7.895015	1056	1.00	0.92
	SOX5_Q1	NNAACATNN	aaaCAATaa	0.681190	-1185	1.00	0.99
	AP4_Q5	NNCAGCTGN	ggggGCTGlc	0.508566	-1122	1.00	0.85
	DELTAEF1_Q1	NNNCACCTNAN	gcaAGGTgcaa	0.538360	-1107	1.00	0.96
	IK2_Q1	NNNYGGAWNNN	gltaGGGAgaag	-0.854442	-1083	1.00	0.91
	CMYB_Q1	NNNNNGNCNGTTGN	aacagacacaGTTGaalg	0.594660	-1065	1.00	0.92

Similarité core >= 0,99
Similarité matrice >= 0,85

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la maifrice
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	tggaGATAgatcg	0.930257	-1042	1.00	0.91
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	ggaGATAgatcg	0.653180	-1041	1.00	0.94
	LMO2COM_02	NMGATANS	gaGATAgat	0.569272	-1039	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	egtcTCCctcac	-0.854442	-1004	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	acCAGctcc	0.508566	-994	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	catctCCctccla	-0.854442	-909	1.00	0.88
	SOX5_01	NNAACAATNN	cciaCAATcc	0.681190	-839	1.00	0.86
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	ctlagGATAtggg	0.930257	-809	1.00	0.93
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	ttagGATAtggg	0.653180	-808	1.00	0.89
	LMO2COM_02	NMGATANS	agGATAtg	0.569272	-806	1.00	0.92
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	tgccACCTgat	0.538360	-794	1.00	0.97
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	gcCACCtgat	0.781061	-793	1.00	0.95
	SOX5_01	NNAACAATNN	aaATTGctcla	0.681190	-779	1.00	0.86
	SOX5_01	NNAACAATNN	gglaCAATlc	0.681190	-895	1.00	0.86
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	cacagGATAcacag	0.930257	-865	1.00	0.89
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	acagGATAcacag	0.653180	-864	1.00	0.88
	LMO2COM_02	NMGATANS	agGATAcac	0.569272	-862	1.00	0.88
	CEBPB_01	RNRKNGMAAKNN	acctgtGCAaacc	1.460836	-851	1.00	0.94
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	tcgACCTaaa	0.538360	-836	1.00	0.87
	CEBPB_01	RNRKNGMAAKNN	tttTTGctgaggt	1.460836	-820	1.00	0.87
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gaggtTCCcact	-0.854442	-811	1.00	0.95
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	tcgACCTcca	0.538360	-864	1.00	0.85
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	ccacaGATAtgcca	0.930257	-556	1.00	0.93
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	cacaGATAtgcca	0.653180	-555	1.00	0.94
	LMO2COM_02	NMGATANS	caGATAtgc	0.569272	-553	1.00	0.96
	S8_01	NNNNNYAATTN	acctTAATagcaaat	-1.397287	-526	1.00	0.86
	S8_01	NNNNNYAATTN	ataagcaaATTaalt	-1.397287	-520	1.00	0.95
	S8_01	NNNNNYAATTN	gcaaatTAATTaalt	-1.397287	-516	1.00	0.97
	S8_01	NNNNNYAATTN	aaatTAATTaalt	-1.397287	-514	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ttatTCCcagca	-0.854442	-466	1.00	0.95
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ccCAGCactc	0.508566	-461	1.00	0.85
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	caCAGCagtg	1.794672	-386	1.00	0.93
	S8_01	NNNNNYAATTN	clclcaaaATTaataa	-1.397287	-369	1.00	0.93
	MZF1_01	NGNGGGGA	cltGGGGa	0.437162	-334	1.00	0.96

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cltgGGGAaggg	-0.854442	-334	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tgGGGAagcig	-0.854442	-305	1.00	0.87
	MZF1_01	NGNGGGGA	tgGGGGA	0.437162	-305	1.00	0.99
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gggaGCTGcc	1.794672	-301	1.00	0.91
	MYOD_Q8	NNCAGCTGNY	cacaGGTGac	0.781061	-274	1.00	0.91
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	cacAGGTgacc	0.538360	-274	1.00	0.95
	CMBYB_01	NNNNNGNCNGTTGNN	cagglgaccGTTGtccc	0.594660	-272	1.00	0.90
	VMYB_02	NSYAACGGN	ccCGTTgtc	0.465812	-265	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	glgtTCCCcclc	-0.854442	-282	1.00	0.91
	MZF1_01	NGNGGGGA	lCCCCcic	0.437162	-258	1.00	0.96
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cglgtCCCGaglg	-0.854442	-245	1.00	0.93
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	tgCAGCagga	0.508566	-221	1.00	0.90
	CMBYB_01	NNNNNGNCNGTTGNN	caggaatcgtGTTGtccc	0.594660	-216	1.00	0.89
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	glgtTCCClta	-0.854442	-206	1.00	0.91
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	ggggGCTGlg	0.508566	-175	1.00	0.86
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	glgtTCCCGcct	-0.854442	-168	1.00	0.92
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	agcAGGTgcaa	0.538360	-131	1.00	0.95
	MYOD_Q6	NNCAGCTGNY	agcAGGTGca	-0.147777	-131	1.00	0.96
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	tgcaatATCcaala	-0.046677	-125	1.00	0.92
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	lgcaatATTCaat	0.653180	-125	1.00	0.87
	LMO2COM_02	NMGATANSG	caaTATCca	0.569272	-123	1.00	0.92
	NOX25_01	TYAAGTG	cACTTaa	1.519193	-33	1.00	0.98
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ggcTCCcgcgc	-0.854442	-19	1.00	0.89
	MZF1_01	NGNGGGGA	lCCCCcgc	0.437162	-15	1.00	0.96
	VMYB_02	NSYAACGGN	cagAACGgt	0.465812	34	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	aaaTCCcgcag	-0.854442	46	1.00	0.90
	MZF1_01	NGNGGGGA	lCCCCgag	1.679353	50	1.00	0.95
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	ggaAGGTggag	0.538360	63	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	tgGGGGAigt	-0.854442	82	1.00	0.99
	MZF1_01	NGNGGGGA	tgGGGGA	0.437162	82	1.00	0.96
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	glgtGCTGag	0.508566	105	1.00	0.88
	ARNT_01	NNNNCAGCTGNNNN	tgagCACgttcccg	0.511281	111	1.00	0.88
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	aggtTCCClgat	-0.854442	117	1.00	0.92
	GATA1_02	NNNNNGATANKGNN	lccatGATAattlg	0.930257	121	1.00	0.91

Fillration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	cctGATAaaltg	0.653180	122	1.00	0.95
	S8_01	NNNNYAAATTN	cigaTAATtggggt	-1.397287	124	1.00	0.95
	LMO2COM_02	NMGATANSNG	ctGATAatt	0.569272	124	1.00	0.91
	GATA_C	NGATAAGNMNN	tGATAAaltgg	1.411087	125	1.00	0.90
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	lccaGGTGcc	-0.147777	139	1.00	0.91
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	lccAGGTgctt	0.538360	139	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWN	actTCCCTtgc	-0.854442	150	1.00	0.88
	GATA_C	NGATAAGNMNN	cttccTTATCc	1.411087	163	1.00	0.97
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	lccatTATCcttc	0.653180	164	1.00	0.94
	GATA1_02	NNNINGATANKGNN	ttccTATCcttcc	0.930257	184	1.00	0.95
	LMO2COM_02	NMGATANSNG	cctTATCct	0.569272	166	1.00	0.96
	GETS1P54_01	NCMGAWGYN	lccTCCGgg	1.274487	171	1.00	0.94
	IK2_01	NNNYGGGAWN	lccgGGGAgigt	-0.854442	175	1.00	0.86
	MZF1_01	NGNGGGGA	lccGGGGa	0.437162	175	1.00	0.95
	IK2_01	NNNYGGGAWN	gltGGGAaaaa	-0.854442	183	1.00	0.97
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	caCAGGgltc	1.794672	210	1.00	0.92
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	ggicACCTega	0.538360	224	1.00	0.94
	IK2_01	NNNYGGGAWN	lgaGGGAcclc	-0.854442	231	1.00	0.90
	CMYB_01	NNNNNGNCGTGNN	ctgcCAACctacacctcc	0.594660	242	1.00	0.85
	DELTAEF1_01	NNNCACCTNAN	clacACCTcca	0.538360	250	1.00	0.94
	IK2_01	NNNYGGGAWN	agltTCCcactt	-0.854442	260	1.00	0.93
	MZF1_01	NGNGGGGA	cCCCCacc	0.437162	291	1.00	0.85
	NKX25_01	TYAAGTG	cACTTta	1.519193	316	1.00	0.94
	IK2_01	NNNYGGGAWN	aaagTCCcggag	-0.854442	332	1.00	0.88
	MZF1_01	NGNGGGGA	ICCCcgag	1.879953	336	1.00	0.95
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	aactltGCAAtt	1.460836	375	1.00	0.96
	IK2_01	NNNYGGGAWN	aattTCCcttc	-0.854442	384	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWN	agltTCCctalc	-0.854442	406	1.00	0.94
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	ttcccTATCggtta	0.653180	409	1.00	0.93
	GATA1_02	NNNINGATANKGNN	ttcccTATCggtat	0.930257	409	1.00	0.97
	LMO2COM_02	NMGATANSNG	cccTATCgg	0.569272	411	1.00	0.99
	GATA1_02	NNNINGATANKGNN	alcggTATCtgaa	0.930257	415	1.00	0.92
	GATA1_04	NNCWGATARNNNN	alcggTATCtgaa	0.653180	415	1.00	0.91
	LMO2COM_02	NMGATANSNG	cggTATCcat	0.569272	417	1.00	0.96

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	CETS1P54_01	NCMGAWGYN	cagtTCCGgg	1.244487	445	1.00	0.92
	MZF1_01	NGNGGGGA	cggGGGGa	0.437162	451	1.00	0.98
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cggGGGGAaala	-0.854442	451	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ccgTCCClgac	-0.854442	497	1.00	0.90
	CETS1P54_01	NCMGAWGYN	lgacTCCGga	1.244487	543	1.00	0.87
	CETS1P54_01	NCMGAWGYN	lcCGAGggc	1.244487	547	1.00	0.90
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ccTGGGAgcgt	-0.854442	580	1.00	0.92
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cagtTCCCaict	-0.854442	614	1.00	0.94
	CETS1P54_01	NCMGAWGYN	agacTCCGgg	1.244487	659	1.00	0.86
	DELTAEF1_01	NNCACCTNAN	ggccACCTggg	0.538360	679	1.00	0.95
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	gcCACCTggg	0.781061	680	1.00	0.91
	VMYB_Q2	NSYAACGGN	gggAACGga	0.465912	690	1.00	0.93
	GATA1_Q2	NNNNINGATANKGNN	tcacGATAgccct	0.930257	815	1.00	0.91
	GATA1_Q4	NNCWGATARNNN	calcGATAgccct	0.853180	816	1.00	0.88
	LMO2COM_Q2	NMGATANSg	lcGATAgcc	0.569272	818	1.00	0.95
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	atCAGCtacc	0.508566	837	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	gacgGCTGeg	1.794672	849	1.00	0.91
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	gggTCCCalig	-0.854442	863	1.00	0.97
	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	cactTCCClglt	-0.854442	877	1.00	0.92
	NKX25_Q1	TYAAGTG	cACTTcc	1.519193	877	1.00	0.88
aucune (Paramètres par défaut MatInspector)	IK2_01	NNNYGGGAWNNN	ttcGGGAgalt	-0.854442	925	1.00	0.89
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	cicAGCcgga	0.508566	945	1.00	0.87
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	caCAGCtacc	1.794672	1004	1.00	0.92
	AP4_Q5	NNCAGCTGNN	clccGCTGlt	1.794672	1040	1.00	0.91
	CETS1P54_01	NCMGAWGYN	lgltTCCGgt	1.244487	1046	1.00	0.95
	HFH2_Q1	NAWTGTTTITT	aaacaAAAAaa	56.365713	-1219	0.82	0.89
	HNF3B_Q1	NNNTRITTRYTY	aaacaAAAAaa	6.168471	-1219	0.85	0.90
	HFH2_Q1	NAWTGTTTITT	aaaaaAAAAaac	28.165126	-1215	0.82	0.88
	HNF3B_Q1	NNNTRITTRYTY	aaaaaAACaaaa	6.168471	-1211	0.99	0.88
	HNF3B_Q1	NNNTRITTRYTY	aaacaAAAAcaa	9.407093	-1207	0.85	0.89
	HNF3B_Q1	NNNTRITTRYTY	aaacaAAAAcaa	9.407093	-1196	0.85	0.89
	HNF3B_Q1	NNNTRITTRYTY	aaacaAAAAcaa	9.407093	-1190	0.85	0.89
	HFH2_Q1	NAWTGTTTITT	aaacaAATAaaa	28.165126	-1185	0.90	0.85
	TATA_C	NCTATAAAAR	acAATAAAAA	8.111772	-1182	0.89	0.93

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité ducore	Similarité de la matrice
	VMYB_01	AAYAACGGNN	cicTGTtct	3.427439	-1171	0.82	0.85
	VMYB_01	AAYAACGGNN	agaAACAgac	3.427439	-1068	0.82	0.86
	LMO2COM_01	SNNCAGGTNNN	acaCATtgaat	1.242813	-1080	0.80	0.87
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	cacaGTTGaa	-0.147777	-1059	0.87	0.89
	OCT1_06	CWNAWTKWSATRYN	cacagtgpaTGAa	8.438364	-1059	0.83	0.86
	VMYB_02	NSYAACGGN	acAGTTgaa	0.466812	-1058	0.82	0.88
	GATA_C	NGATAAGNNNN	agATAGatcgg	1.411097	-1038	0.89	0.90
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	ggglggaGAAAgag	1.460836	-1022	0.99	0.93
	LMO2COM_01	SNNCAGGTNNN	agcaTCTGcaa	1.242813	-973	0.82	0.91
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	tgCATCtgca	-0.147777	-972	0.92	0.91
	AP1_C	NTGASTCAN	cTAACTCac	1.430304	-940	0.85	0.87
	AP1_C	NTGASTCAN	cTAACTCac	1.430304	-940	0.85	0.87
	PADS_C	NGTGGTCTC	gGTGATcda	5.230232	-922	0.90	0.89
	CEBP_C	NGWNTKNKGAAKNNAYA	tgcttggGAAATaaacc	23.615437	-897	0.89	0.89
	CEBPB_01	RNRTKNNGMAAKNN	gcitlgtGAAAtaa	1.460836	-896	0.99	0.95
	VMYB_01	AAYAACGGNN	accAGTTtct	3.427439	-882	0.88	0.88
	HFH2_01	NAWTGTTTTRTT	cagTTTtctt	28.185126	-880	0.82	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	lllITCCAga	1.244487	-872	0.85	0.86
	LMO2COM_01	SNNCAGGTNNN	agacaTCTGaga	1.242813	-857	0.82	0.89
	MYOD_Q6	NNCANTGNY	gaCATCtgag	-0.147777	-856	0.92	0.89
	SRY_02	NWNAACAANN	actaTTGAtct	3.860390	-824	0.81	0.85
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	tailGATtct	2.349850	-822	0.89	0.93
	OCT1_02	NNGAATATKANNN	tcllaGGATaltgg	8.039815	-810	0.86	0.86
	GATA_C	NGATAAGNNNN	gGATATlgggc	1.411097	-805	0.87	0.86
	USF_Q6	GYCACGTGNC	gcCACClgat	13.858419	-793	0.82	0.89
	USF_C	NCACGTGN	cCACClga	0.507662	-792	0.86	0.93
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ggcGGTGgc	6.857788	-684	0.82	0.87
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gcAGGAgalg	1.244487	-676	0.93	0.88
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ggCACAggat	6.857788	-667	0.86	0.85
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	acAGGAlaca	1.244487	-664	0.93	0.91
	GATA_C	NGATAAGNNNN	gGATACaaaga	1.411097	-661	0.88	0.89
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccAGGAaalg	1.244487	-578	0.93	0.92
	GATA_C	NGATAAGNNNN	agATATgcat	1.411097	-552	0.87	0.94
	OCT1_06	CWNAWTKWSATRYN	gATATgccalcat	8.438364	-551	0.94	0.85

Filtration	Site	Consensus	Séquences	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGNNN	alGCATGtgcc	1.242813	-539	0.82	0.89
	USF_Q6	GYCACGTGNC	tgcaTGTGtc	6.857788	-538	0.86	0.86
	USF_C	NCACGTGN	gcATGTgt	0.507662	-537	0.88	0.93
	USF_C	NCACGTGN	gcATGTgt	0.507662	-537	0.82	0.85
	OCT1_06	CWNAWTKWSATRYN	attaattaaATTa	8.438364	-512	0.89	0.90-
	TATA_C	NCATATAAAR	aaTTTAAAAa	8.111772	-504	0.93	0.87
	MYCMA_X_02	NANCACGTGNNW	ttactTGTgltg	3.484391	-488	0.90	0.86
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ggCACACgccc	6.857788	-477	0.86	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	lcAGGAggca	1.244487	-463	0.93	0.91
	PADS_C	NGTGGTCTC	aGTGATtlic	5.230232	-404	0.90	0.91
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gattTCCAgtg	1.244487	-401	0.85	0.89
	CAAT_01	NNRRCCAATSA	gtgagCCACtct	3.434507	-377	0.83	0.85
	NFY_Q6	TRRCCAATSRN	gagCCACtctc	5.187369	-375	0.81	0.85
	TATA_C	NCATATAAAR	lTTTTAAAAa	16.345002	-350	0.93	0.88
	TATA_C	NCATATAAAR	lTTTTAAAAa	16.345002	-350	0.93	0.88
	AP2_Q6	MKCCSCNGGCG	gtcttGGGgag	12.284970	-337	0.98	0.85
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	acAGGAagt	1.244487	-320	0.93	0.85
	OCT1_06	CWNAWTKWSATRYN	gCCATTTcaagalg	8.438364	-294	0.83	0.86
	CEBPB_01	RNRKINGMAAKNN	ccaTTTCaagalg	1.480838	-293	0.99	0.92
	E47_01	NSNGCAGGTGKNCNN	ctcACAGgtgacccg	9.748242	-276	0.83	0.85
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ctCACAgglg	6.857788	-276	0.86	0.86
	USF_Q6	GYCACGTGNC	cacaGGTGac	13.858419	-274	0.82	0.89
	USF_C	NCACGTGN	acAGGTGa	0.507662	-273	0.86	0.92
	ARPI_01	TGACCYTTGANCYYW	tgaccgTtTgtccccc	123.879856	-268	0.93	0.87
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gcAGGAatcc	1.244487	-217	0.93	0.88
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ggaatCCTgt	1.244487	-214	0.93	0.88
	VMYB_01	AAYAACGGNN	lccTtTtTgtc	3.427439	-210	0.82	0.86
	CEBPB_01	RNRKINGMAAKNN	ccTtaaGAAAcoc	1.460836	-200	0.99	0.89
	USF_C	NCACGTGN	gcAGGTGc	0.507662	-130	0.86	0.92
	GATA_C	NGATAAGNNNN	gtgcaATATCc	1.411087	-126	0.87	0.89
	OCT1_02	NNGAATATKCANNNN	tgcaatATCCaagag	8.039815	-125	0.86	0.92
	NFKB_C	NGGGACTTTCCA	gagaaaATCCCc	42.843021	43	0.93	0.88
	NFKAPPAB_01	GGGAMTTYCC	gaaaatCCCC	10.361187	45	0.90	0.86
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	cctGGAgalc	1.244487	74	0.85	0.85

Filtration	Site	Consensus	Sequence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	RFX1_01	NNGTNRNRRGYAACNN	acgTTCCggaatatt	7.172878	117	0.88	0.85
	CETS1P54_01	NCMGGAGWYN	gggtTCCAag	1.244487	135	0.85	0.86
	USF_C	NCACGTGN	ccAGGTGc	0.507682	140	0.86	0.92
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	gagtgGGAaaaa	1.460836	181	0.87	0.88
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGN	ggcaTCTGgic	1.242813	216	0.82	0.88
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	gICATCtggt	-0.147777	217	0.92	0.93
	CETS1P54_01	NCMGGAGWYN	cacTCCAgt	1.244487	253	0.85	0.91
	USF_Q6	GYCAGGTGNC	clccAGTGic	6.857788	256	0.86	0.86
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	cacTTTCCAatga	1.460836	267	0.99	0.93
	SRF_Q6	GNCCAWATAWGMN	ttCCAAtgagggc	30.107806	271	0.87	0.91
	GC_01	NRGGGGGGGGCNK	acccccCACcccc	35.805311	289	0.87	0.91
	SP1_Q6	NGGGGGGGGGYN	cccccCACCCCC	25.529462	290	0.82	0.92
	OCT1_Q6	CWNAWTKWSATRYN	caAAtttcaatlla	8.438364	309	0.89	0.85
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	actllaGAAAgaa	1.460836	317	0.99	0.94
	OCT1_Q5	MKNATTTGCATAY	ccaaTTCCATgla	49.384942	353	0.85	0.86
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	cagTTTCcaatcg	1.460836	405	0.99	0.87
	GATA_C	NGATAAGNMN	tttccCTATCg	1.411097	408	0.89	0.93
	GATA_C	NGATAAGNMN	latcgGTATCa	1.411097	414	0.88	0.89
	USF_Q6	GYCACGTGNC	gcCACAggca	6.857788	433	0.86	0.85
	AP2_Q6	MKCCGCGNGGCG	ttccggGGGgaa	12.284970	448	0.98	0.85
	OCT1_Q6	CWNAWTKWSATRYN	gAAATaaalaacg	8.438364	457	0.89	0.86
	CEBPB_01	RNRTKNGMAAKNN	aaataacGAAAlca	1.460836	463	0.99	0.91
	AP2_Q6	MKCCGCGNGGCG	ctccggAGGGcg	12.284970	546	0.86	0.91
	RFX1_Q2	NNGTNRNRRGYAACNN	tgTTTTcttgagagcgt	7.174515	574	0.88	0.89
	RFX1_Q1	NNGTNRNRRGYAACNN	tgTTTTcttgagagcg	7.172878	574	0.88	0.88
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGN	ggcCAGCtgcaa	1.242813	640	0.88	0.94
	LMO2COM_01	SNNCAGGTGN	ggcaaGCTGcaa	1.242813	640	0.88	0.91
	MYOD_Q6	NNCANCTGNY	ggcaaGCTGcaa	1.709898	641	0.82	0.97
	MYOD_Q8	NNCANCTGNY	ggcCAGCtgca	1.709898	641	0.92	0.90
	AP1_C	NTGASTCAN	atGACACAG	1.430304	652	0.86	0.85
	USF_Q6	GYCACGTGNC	ctCACCGggg	6.857788	670	0.82	0.85
	USF_Q6	GYCACGTGNC	gcCACCGggg	13.858419	680	0.82	0.89
	USF_C	NCACGTGN	cCACCTgg	0.507682	681	0.86	0.92
	RFX1_Q2	NNGTNRNRRGYAACNN	ctgggggaacGGAaccg	7.174515	685	0.88	0.89

Filtration	Site	Consensus	Séquence	score Z	Position/TSS (pb)	Similarité du core	Similarité de la matrice
	AP2_Q6	MKCCSCSCNGGCG	agCCCCGagccc	12.284970	734	0.98	0.85
	OCT1_Q6	NNNNATGCAAAATNAN	aagaaTgcAAACaggg	11.430842	781	0.80	0.88
	HNF3B_01	NNNTRITTRYTY	atgcaAACACaggg	2.929849	785	0.99	0.92
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	gicTTCcAga	1.244487	796	0.85	0.89
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	lICATcgala	2.349950	814	0.93	0.93
	CDPCR3HD_01	NATYGATSSS	calcGATAgc	2.349950	816	0.84	0.95
	GATA_C	NGATAAGNMNN	cGATAGccclt	1.411097	819	0.89	0.88
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	ccctTCCAgc	1.244487	825	0.85	0.89
	HNF3B_01	NNNTRITTRYTY	cctTGTTTgcg	2.929849	907	0.99	0.88
	CETS1P54_01	NCMGGAWGYN	tttgTCCtgt	1.244487	1027	0.93	0.86

Tableau 3

Promoter	Site	Transcription Factor	Core Similarity	Matrix Similarity	Z score	Position/TSS (bp)	motif	consensus
ABCA7 Human	A	GF-01	1,00	0,88	4,43	-589	GCCACTATAATCGGAGACTCTAGA	NNNNNAATCANNNGNNNNNN
	B	HNF3B 03	0,99	0,85	4,37	-547	GAATGTTGGCC	NNNTRITRTTY
	C	CEBP 01	0,87	0,85	2,13	-498	CGTTGGTGAATGA	RNRKNGMAAKN
	D	CEBP 01	0,87	0,85	2,13	-469	ATCTAGTGGAAOC	RNRKNGMAAKN
	E	NF1 Q6	1,00	0,86	2,00	-402	GCCTGGCCAGCCCGGGG	NNTTGGNNNNNNNN
	F	AP4 Q5	1,00	0,90	1,68	-340	TGCAGCGGT	NNCAGCTGN
	G	NFKAPAB 01	1,00	0,90	9,96	-260	GGGACTGCC	GGGAMTTYCC
	H	NFY Q6	1,00	0,89	2,00	-106	CGCCCAATAGC	TRRCCAATSRN
ABCA7 Mouse	A	GF-01	1,00	0,88	2,96	-842	TGCTACAAATCAGGAACTATT	NNNNNAATCANNNGNNNNNN
	B	HNF3B 03	0,88	0,85	3,25	-825	AACTATTGATTC	NNNTRITRTTY
	C	CEBP 01	0,99	0,94	1,72	-787	TGATTCTGAATTC	RNRKNGMAAKN
	D	CEBP 01	1,00	0,91	1,72	-760	ATGTTGCTAAATG	RNRKNGMAAKN
	E	NF1 Q6	1,00	0,88	2,61	-688	TTCTGGCTGGTGGCAGGA	NNTTGGNNNNNNNN
	F	AP4 Q5	1,00	0,93	2,03	-386	CACAGCAGTG	NNCAGCTGN
	G	NFKAPAB 01	1,00	0,88	11,12	-301	GGGAGCTGOC	GGGAMTTYCC
	H	NFY Q6	1,00	0,89	5,63	-156	CCTCAATGGC	TRRCCAATSRN

Tableau 4**Oligonucleotides spécifiques du gène ABC-A7 humain.**

Nom	Séquence (5'-3')	Orientation
ABCA7_U2	CTTCAGCCCGACCGTTG	Sense
ABCA7_AJ	AGAATTTTCATGTATCGCC	Sense
ABCA7_L2	CGATGGCAGTGGCTTGTTCG	Antisense
ABCA7_L1	GCGGAAAGCAGGTGTGTTAC	Antisense
ABCA7_AL	CTGGAGTTGCTGTCAGAG	Sense
ABCA7_AK	GGGTAAAAGGTGTATCTGG	Antisense
ABCA7_AN	TCACGAGGACCAATAAGATC	Sense
ABCA7_AM	TGTCAGTGTACCGGAGTAG	Antisense
ABCA7_AP	CCTGGAAGCTGTGTGC	Sense
ABCA7_AO	ACGGAGACGCCAGGAC	Antisense
ABCA7_AR	GTCCTGGCGTCTCCGTTT	Sense
ABCA7_AQ	CTCGTCCAGGATAACAAC	Antisense
ABCA7_AT	GTGCTGCCCTACACGG	Sense
ABCA7_AS	CAGTGCCAGCCCTGTAC	Antisense
ABCA7_AV	ACCCAGAGTCTCCATCC	Sense
ABCA7_AU	GAGAAGCCTCCGTATCTGAC	Antisense
ABCA7_AX	CTGCTCTCTGCTGTTGC	Sense
ABCA7_AW	GCACCATGTCAATGAGCC	Antisense
ABCA7_AZ	CCTCAGCATGGGATACTG	Sense
ABCA7_AY	GCTTGCGTTTGTTCCTC	Antisense
ABCA7_BA	ACCACGGCTTCTCTCC	Antisense
ABCA7_Q	AGCCAGCAACGCAATCCTCC	Sense
ABCA7_R	CGCACCATGTCAATGAGCCC	Antisense
ABCA7_L3	TGAAGACGTGCGGTGCG	Antisense
ABCA7_L4	TGTCTCCGGCGATACATGAAATTC	Antisense
ABCA7_L5	ACCTCAGACCCAGACCCTTACGC	Antisense
ABCA7_U4	GGAATGAGGTTGAGAAAGGG	Sense
ABCA7_U5	ATGCAAGTTCCTGGGAGTTAG	Sense
ABCA7_U6	CTCCTTCCGGTGAATGTTGACG	Sense

REVENDICATIONS

1. Acide nucléique comprenant un polynucléotide ayant au moins 20
5 nucléotides consécutifs de la séquence nucléotidique choisie parmi les séquences
SEQ ID N°1-5, ou un acide nucléique de séquence complémentaire.

2. Acide nucléique ayant au moins 80% d'identité en nucléotides avec un
acide nucléique selon la revendication 1.

10

3. Acide nucléique hybridant, dans des conditions d'hybridation de forte
stringence, avec un acide nucléique selon la revendication 1 ou 2.

4. Acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 3, capable de
15 moduler la transcription d'un polynucléotide placé sous son contrôle.

5. Acide nucléique selon la revendication 4, comprenant un polynucléotide
allant du nucléotide en position -1 au nucléotide en position -1111 par rapport au
premier nucléotide transcrit, localisé en position 1112 de la séquence nucléotidique
20 SEQ ID N°1.

6. Acide nucléique selon la revendication 4, capable d'activer la
transcription d'un polynucléotide d'intérêt placé sous son contrôle.

25 7. Acide nucléique selon la revendication 4, capable d'inhiber la
transcription d'un polynucléotide d'intérêt placé sous son contrôle.

8. Acide nucléique comprenant:

- 30 a) un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 7; et
b) un polynucléotide codant pour un polypeptide ou un acide nucléique
d'intérêt.

9. Acide nucléique selon la revendication 8, caractérisé en ce que l'acide
nucléique d'intérêt est un oligonucléotide de type sens ou antisens.

10. Vecteur de clonage et/ou d'expression recombinant comprenant un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 9.

5 11. Cellule hôte transformée par un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 9 ou par un vecteur recombinant selon la revendication 10.

12. Mammifère transgénique non humain dont les cellules somatiques et/ou les cellules germinales ont été transformées par un acide nucléique selon l'une des
10 revendications 1 à 9 ou par un vecteur recombinant selon la revendication 10.

13. Procédé pour le criblage d'une substance ou d'une molécule modulant la transcription du polynucléotide constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8, caractérisé en ce qu'il comporte les étapes suivantes:

- 15 a) mettre en culture une cellule hôte transformée selon la revendication 11;
b) incuber la cellule hôte transformée en présence de la substance ou molécule candidate;
c) détecter l'expression du polynucléotide d'intérêt;
d) comparer les résultats de détection obtenus à l'étape c) avec les
20 résultats de détection obtenus par mise en culture de la cellule hôte transformée en l'absence de la molécule ou substance candidate.

14. Kit ou nécessaire pour le criblage in vitro d'une molécule ou substance candidate modulant la transcription du polypeptide d'intérêt codé par un
25 polynucléotide constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8, comprenant :

- a) une cellule hôte transformée selon la revendication 11;
b) le cas échéant, les moyens nécessaires à la détection de la transcription du polynucléotide d'intérêt constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8.

30 15. Procédé de criblage in vivo d'une substance ou molécule modulant la transcription d'un polynucléotide d'intérêt constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes:

- a) administrer la substance ou molécule candidate à un mammifère transgénique non humain selon la revendication 12;

b) détecter l'expression du polynucléotide d'intérêt chez le mammifère transgénique tel que traité à l'étape a);

c) comparer les résultats de détection de l'étape b) aux résultats observés chez un mammifère transgénique non humain selon la revendication 12 n'ayant pas
5 reçu l'administration de la substance ou molécule candidate.

16. Kit ou nécessaire pour le criblage in vivo d'une molécule ou substance candidate modulant la transcription du polynucléotide d'intérêt constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8, comprenant:

- 10 a) un mammifère transgénique non humain selon la revendication 12;
b) le cas échéant, les moyens nécessaires à la détection de la transcription dudit polynucléotide d'intérêt.

17. Substance ou molécule modulant la transcription d'un polynucléotide
15 d'intérêt constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8.

18. Substance ou molécule selon la revendication 17, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée selon le procédé de la revendication 13 ou de la revendication 15.

20

19. Composition pharmaceutique comprenant, en tant que principe actif, une substance ou une molécule selon l'une des revendications 17 ou 18.

20. Composition pharmaceutique selon la revendication 19, caractérisée en
25 ce qu'elle est destinée au traitement et/ou à la prévention des déficiences dans le métabolisme des lipides, ou dans les mécanismes impliquant le système immunitaire et l'inflammation.

21. Substance ou molécule selon l'une des revendications 17 ou 18, en tant
30 que principe actif d'un médicament.

22. Procédé de détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant les étapes suivantes:

a) extraire l'ARN messager total à partir d'un matériel biologique provenant du sujet à tester;

b) quantifier l'ARN messager de ABCA7 présent dans ledit matériel biologique:

5 c) comparer la quantité d'ARN messager de ABCA7 obtenue à l'étape b) avec la quantité d'ARN messager de ABCA7 attendue chez un sujet normal.

23. Procédé de détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant les étapes suivantes:

10 a) séquencer, à partir d'un matériel biologique provenant du sujet à tester, un polynucléotide localisé en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7;

b) aligner la séquence nucléotidique obtenue en a) avec la séquence SEQ ID N°1;

15 c) déterminer les différences nucléotidiques entre le polynucléotide séquencé provenant du matériel biologique du sujet à tester et la séquence SEQ ID N°1 de référence.

24. Kit ou nécessaire pour la détection d'une altération de la transcription
20 du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant les moyens nécessaires à quantifier l'ARN messager de ABCA7 dans un matériel biologique provenant dudit sujet à tester.

25 25. Kit ou nécessaire pour la détection d'une altération de la transcription du gène ABCA7 chez un sujet, comprenant les moyens nécessaires au séquençage d'un polynucléotide localisé en amont du site d'initiation de la transcription du gène ABCA7 chez le sujet à tester.

30 26. Procédé de criblage d'une molécule ou substance modulant la transcription du polynucléotide d'intérêt constitutif de l'acide nucléique selon la revendication 8, comprenant les étapes suivantes:

a) incuber un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 9 ou un vecteur recombinant selon la revendication 10 avec une molécule ou substance candidate à tester;

b) détecter le complexe formé entre la molécule ou substance candidate et la molécule ou la substance candidate.

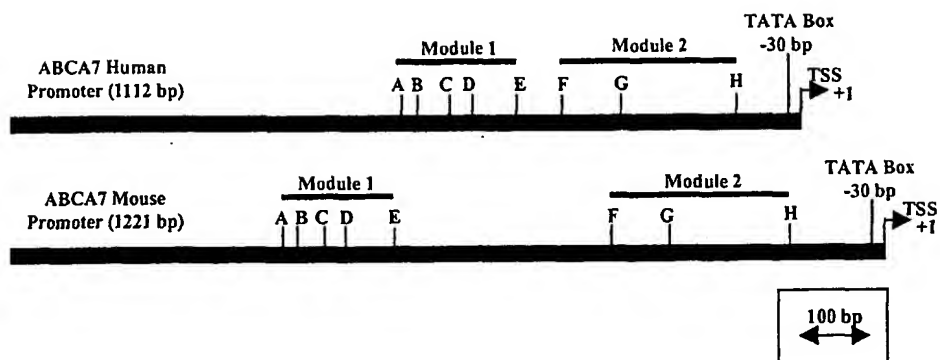
27. Kit ou nécessaire pour le criblage d'une molécule ou substance
5 candidate modulant la transcription du polynucléotide d'intérêt constitutif de l'acide
nucléique selon la revendication 8 comprenant :

a) un acide nucléique selon l'une des revendications 1 à 9 ou un vecteur
recombinant selon la revendication 10;

b) le cas échéant, les moyens nécessaires à la détection du complexe
10 formé entre la molécule ou la substance candidate et ledit acide nucléique.

1/7

Figure 1



A: GFI-01 (GFI1)
B: HNF3B-03
C: CEBP-01
D: CEBP-01
E: NF1-Q6
F: AP4-Q5
G: NFkappaB-01
H: NFY-Q6

Figure 2

SEQ ID NO: 1

-911
AAAACCTCTGTTTGTACGAAGAGAAGGTGGCCAAGAGAGTTGGCGTCGATGAGGGCGTGC
-851
TTTGCTTTGATGCTTTTGTGGGGAGAGAGGAGGTCTTGGGGGATGGGGGGATCAAGGGGA
-791
AAATGTCCACCTCACCATTGGGAGGAGGAGCAAAAGCTGAAGCCACAGGTGAGTCTGGGT
-731
GGAATGAATGATTTGAAGGGCCGGGACTTGGGGTAGAGGGAGAGGCTGGGCTTCCTGGCC
-671
ATTGGAGAAGAGGCAGTTCCTCAAATGCCCCCATGCGCTTTGGCTGCACTCTACCTT
-611
ACAGCGCAAGTCTCGTGGCCTCAGCCTGGATGTCTCCCGTTGGCGAACTCCTATTTATC
-751
CTCAAAGCCCCAACGGCAATGCCACCTCCTGCCGCGGGAGCCGTCCCCACGCCTCTCACT
-691
CTCCCCAGCGCCTTCAAAGCTGTGGACCCACACGCTCCCATTTTCAGCTTCACCTCCAGCC
-631
TGAAGAGTTTATTTCAACTCTTCTTCCAGAGTGGGAAACGGGTTTTCTCTCAAATCAGGG
-571
TAGCCACTATAATCGGAGACTCTAGAATGTTGGCCCCCTCCCCCTCCTGCCATCCTCTGC
GFI1 HNF3B
-511
AGAAGCCGAGGAGCGTTTCGTGGAATGAATGAATGAACGAATGATCTAGTGGAACCCCTAC
CEBPB CEBPB
-451
TTTACAGACGGACGAGTGTAGTCCCAGAGTCTGGACTAACTAGAGGGAGCCTGGCCAGC
NF1
-391
CCCGGGGACAGCGGGGACAGAGGGAATCCTGCAATTCGGAGCTGCGGTATTGCAGCCGG
AP4
-331
TTATACAACGTGGGGAGGCAGCCTGGCTCCCCAAAGACAGCGCAGCCTCGTTCCCGGAGG
-271
GCGGCCTGCCTGGGACCTGCCGGGCACTCCGCCACCCTACGGTGATGCAGCAAGAGCCGC
NFKAPPAB
-211
GCGGTCCCTTTAAGAAACCCGGCTAGGCGAGGCCCTTCTGTGATCCCGTCTCCTCCCTTG
-151
GCCCCGCGCAGCTCCGACGGAGCAGGCCAGTGAGTGACGGGCAGGTCGCCCAATAGCAGCG
NFY
-91
TGCAGAGGCAGGGGCGTGCCCCGGCGCTGCTACCTGCGCGGGCAAGCTCAGCGCACTTGG
-31
CTTAAGGGGCGGCGCGCTCCCTGCCTGCTGCTGGGCGGAGGGAAGGCGGCAAGAGCTGCG
TATA +1
+30
GAGCCCCCTGGAAGGTGAGAAGGACTCGGAGAGGGAAGAAGGCCCGAGACTCGAGAATGCG
+90
GGGTTGGGGCCGGGAGGGATGCAAGTTCCCTGGGAATTAGGGGGTCCAGCCTCTGACCTC
+150
CTTCCGGTGAATGTTGACGACGGCTGAATTGATCACTGATTCTCAAGGGGGGCATCGGAC
+210
ATCTGGGACCCCTTAAGAGGGCCTTTGCCGATCACACACCTGCAGCCCCCTGCCCGTTAGA
+270
ACTCCTGCACTCCCCCTTGCCCCGTCTTACAAATGGAGAACTGAGCCCACTCCCCCAGA

Figure 2 (suite)

+330
TCCTAAGTCCCGCTTGATGTAAAGGAAAGAACCCTGGCGTAAGGGTCTGGGTCTGAGGTC
+390
CCAGTTCCGGCCTGGTCACCTTTAGCAACTTCCTGCCCCCTCTGTCAGCGTCAGATTCTCC
+450
ATCTGTGTCAGAGGTGGACCGGCCCAAGGAAAATAGATCAGGAATCGCTGACTCCAGGAG
+510
TCTCTATCCCAGCCCCCTTCGCCCTGACTCTTTCTCTGGCTCCCGCGGTCCCTCTGAGCGAT
+570
TAATGCTACATAAGGTGTGGGCAGAGCTGGGGTCGTGCCTCCAGCTGGGCAACTGCCTGT
+630
CTCTCTGGGTGCCTGGGTTTGCTTTCTTGGGCCCTCGGTTTCCACTTCTGTAGAGTGGGGT
+690
GATAGTCCAGCACTTCCCCCTGGGCGTGTGAAAATGTCCAGCACTGCCAATATTCGTTGCTG
+750
TTATCTTCGGAGAACAGTGAGGGGAAAGGAATCCTTGCCTGGGCTGGGCCAGGCAGGAGG
+810
CTGGGGGTCAGGACCTGGAAGAGGCTTCCAGGTGAGGCTTGGGGTGGAGCCTGGTGACGA
+870
AAGCGTTAAGCCCAAACCTCGGTCCCTGGAGGATTAGAGGATGATCTTTAAGTCCCCAGCT
+930
GTCAGCCCTGCTCAGAGCGACAGTCCTGGCAGCCAATCAGATGCGAGGACGGCTGCGGGT
+990
TGCGCTCCCATTTGGTTTACTCCACCCCTGGGGTAGCGGAGCCTCTTTATCGAGTGACTAC
+1050
TGTTTGCCTCGCTCTAATCAGAGCTTCCAGGAACCCTGCGCTGTGGGATAAAGGAATGAG
+1110
GTTTCAGAAAGGGGCAGGGAGTTGCCCGCAGCCGCACCGCACGTCTTCAGCCCCGACCGTTG
+1170
TCCTGACCTCTCTGTCCCGTCCCCTGCCCAGTCTCACCATGG

Figure 3

SEQ ID NO: 4

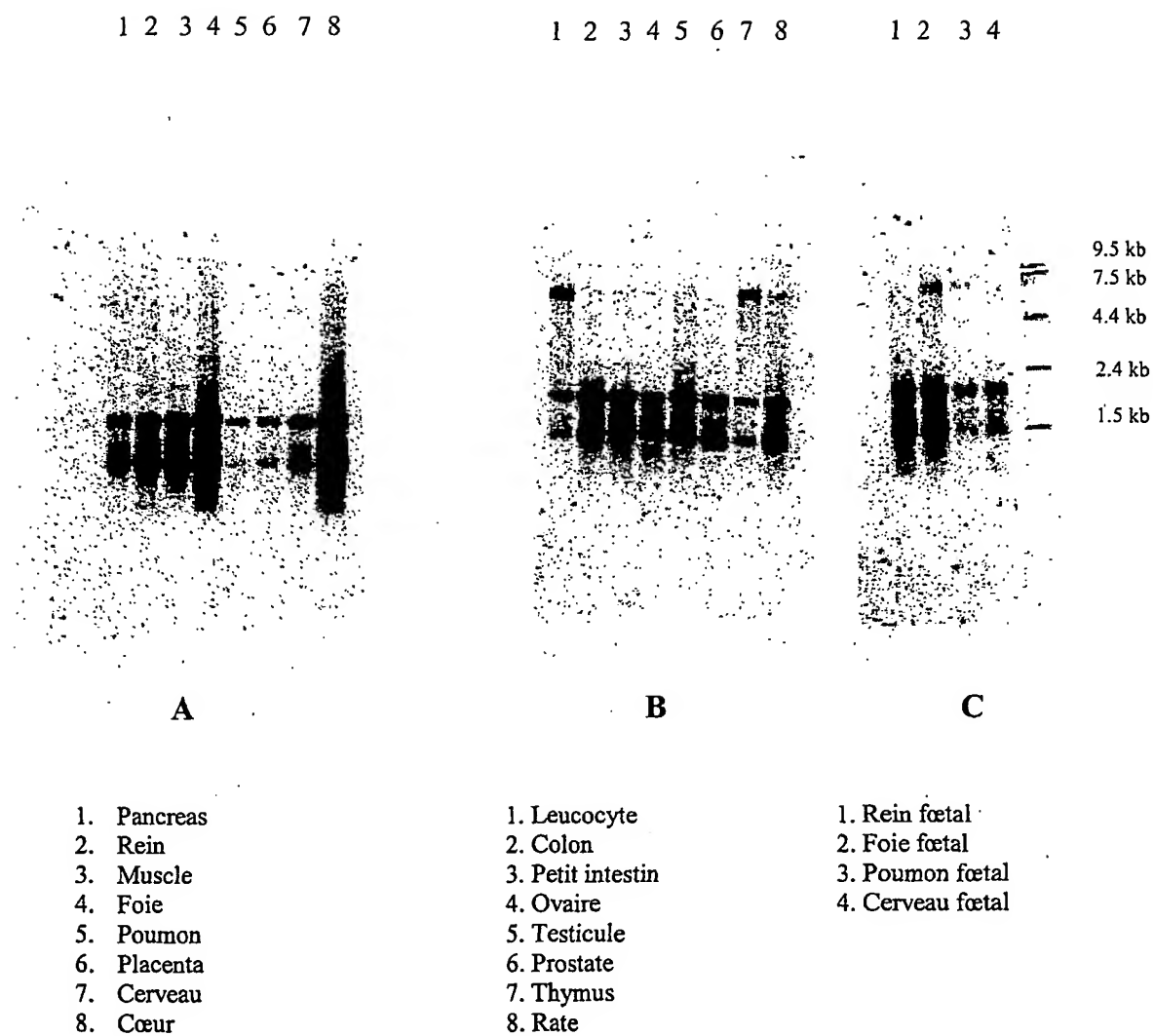
-1220
AAAACAAAAAAAAAAAAACAAAAACAAAAACAAAAACAATAAAAAACCTCTGTTTCTA
-1160
AGAGTAAAGTACATTCCCTGAGTTTGGCCGTGATGGAGGGGGCGCTGTCTAGAAGCAAGGT
-1100
GCAAGCCCTGCACAAAAGTTAGGGAGAAGGCGAGAAACAGACACAGTTGAATGAATGATG
-1040
TGAGATAGATCGGGGCTAGGGTGGAGAAAGAGGCTGAGTCTCCCTCACCAGCTTCCTTCG
-980
AACTCCTATGCATCTGCAAAACCCCAACTTCTAAGGCCCCCTAACTCACGCTTGCCAGGG
-920
TGATCTACACCCATCTCCCTCTATGCTTTGTGAAATAAACAGTTTTTTTTTTTCCAGAGT
-860
AGGAGACATCTGAGAATCTTGCCCTACAATCCAGGCAACTATTGATTCTAATCTTAGGATA
-800
TTGGGCTGCCACCTGATTCTGAAATTGTCTAGACCAGAGGATGTTGCTAAAATGAATGTG
-740
CAGGTCCTGAAGCTCTACTTTGGAGATGAGCTCACAGAGGCTGTGGTACAATTCTGGCT
-680
GGTGGCAGGAGATGGCACAGGATACAAAGACCTTGTGCAAACCTTCCGACCTAAACTTGG
-620
TCTTTGCCTGAGGTCCCACATCATGGTAGGCAAGAATAGACTCCAGGAAATGGTCTCTG
-560
ACCTCCACAGATATGCCATGCATGCATGTGTCTACCCTAATAAGCAAATTAATTAAATT
-500
TAAAAACAAAGGTTACTTGTGGTGGCACACGCCTTTAATCCCAGCACTCAGGAGGCAGAG
-440
GCAGGCGGATCTCTGTGAGACCAGCCTGGTCTAAGCAGTGATTTCAGGCCTACCACAGC
-380
AGTGTGAGCCACTCTCAAAATTAAAAAGTATTTTTAAAAAGGAGTCCTTGAGGAGAGGAG
-320
ACAGGAATGTCTTGCTGTGGGGAGCTGCCATTTCAAGATGTGAATCACAGGTGACCCGT
-260
TGTCCCCCTCTTTGTCTGTCTCCAGTGAAGCCAAACTGATGCAGCAGGAATCCTGTTGTC
-200
CCTTTAAGAAACCCGGCTCGGAGAGGCGGGCTGTGGTCCCGCCTCCTCCAATGGCAAAGT
-140
CGCCTGAGTAGCAGGTGCAATATCCAATAGTAGCGTTAGGGGGCGGGCTGGGTGCTCCT
-80
TAGGGCACCGGGTTGCGAAGGGCGTCGTCCGCAATTGAGCGGGGCTCCACTTAAAGGGGC
-20
CGCGCTCCCCCGCCGAGGCCGAGAGGAGCGAAAGTGGATGGAGTTTGGGGGCCTCAGAAC
+40
GGTGAGAAAATCCCCGAGAGGTTGGAAGGTGGAGCCTGGAGATCTGGGGATGCTGTGGGG
+100
TGAGGGTGGGCTGAGCCACGTTCCCTGATAATTTGGGGTTCCAGGTGCCTACTCTCCCTT
+160
GCCCTTCCTTATCCTTCCGGGGAGTGTGGGAAAAATGGACCACCGATCCTCACAGCGGTC

Figure 3 (suite)

+220
ATCTGGTCACCTCGAGGGACCTCTGCCAACCTACACCTCCAGTGTCCCACTTTCCAAATG
+280
AGGCCTGTCACCCCCAGATCTCAAATTTCACTTATGAAAGAAAAAGTCCC
+340
CGAGTGGAAGCCGCCAATTTCCATGTAGATGGTTAAACTTTGGCAATTTCCCTCTCTGTC
+400
AGCCTCAGTTTCCCTATCGGTATCATGAAGCAGGCCACAGGCATACAGTTCCGGGGGAA
+460
ATAAAATAACGAAATCAGGAATGGCGTGCTCAAGGAGCCTGTCCCTGACTCCTCCTAGCC
+520
GGCGGTCTTCTGTACCCTCCTTTTGACTCCGGAGGGCGGGCCCTCCTTCTTCTGTTT
+580
CCTTGGGAGCGTGACTTTGCCCTTTTGTAGCCTCAGTTCCTCATCTCTTAAAAAATAGAA
+640
GGCCAGCTGCAAATGACACAGACTCCGGGTCTCACCGGGGGCCACCTGGGGCGAACGGAA
+700
CCGAGACCCCGGTCTGGTATGAGGCTGACCGTGGAGCCCCGAGCCCCAAGCCCCAAGCTT
+760
TAAACCCAAGCTCCGCCCCCTAAGAATGCAAACAGGGTCTTCCAGACCCAGCCTTCATC
+820
GATAGCCCTTCCAGCCAATCAGCTACGAGGACGGCTGCGCGCCGGGTTCCTATTGGTCAC
+880
TTCCCTAGTGAATTTCTTTCTATGGTGCCTTGTGTCGGGCTCTTTGCGGGAGATTTAT
+940
TGAGGCTCAGCCCGATGTTCCGAAGGATGAGGATCAGAGACCCGCAGACATTTGTCTGGA
+1000
GCCACACAGCTCACTCTCAGCCTTTTCTTTGTCTCTCCTCTCCGCTGTTTCCGGTCCAG
+1060
AGTCATCATGG

6/7

Figure 4



7/7

Figure 5



B: Cerveau
 H: Cœur
 Li: Foie
 Ln: Ganglions
 Lu: Poumon
 S: Rate
 K: Rein
 A: Glandes Surrénales
 T: Thymus
 U: Utérus

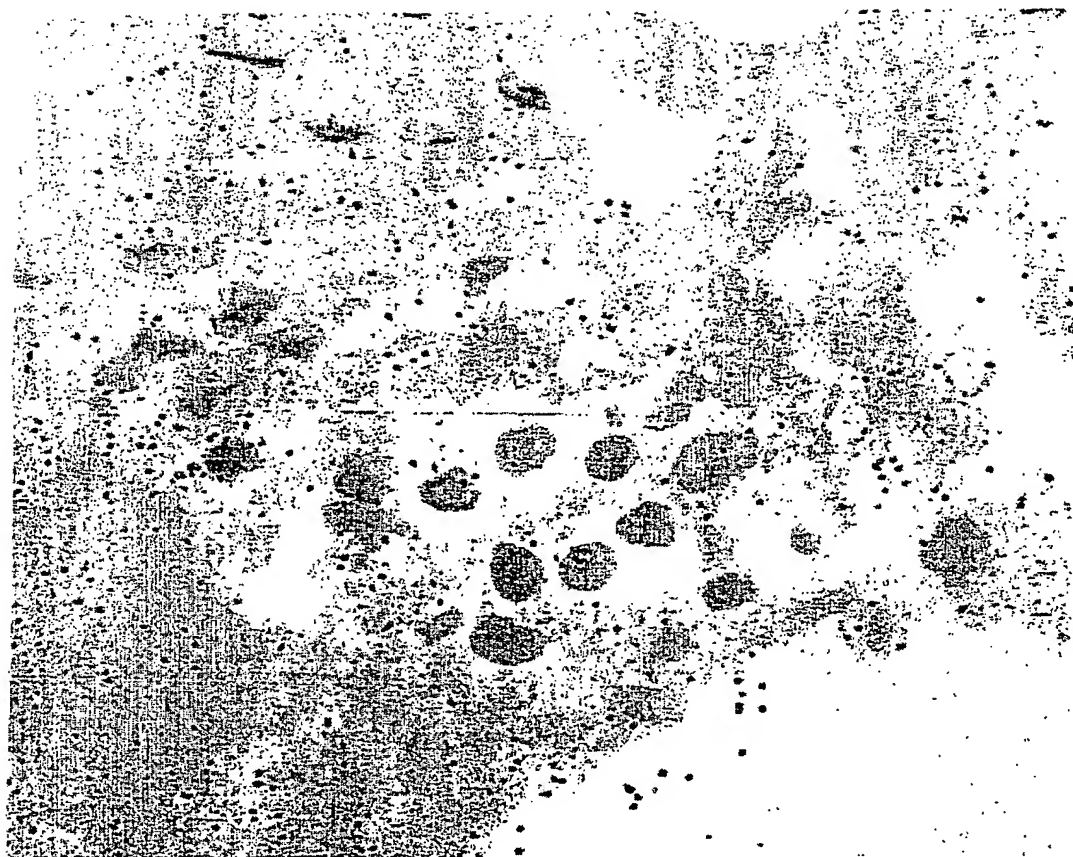


Figure 6

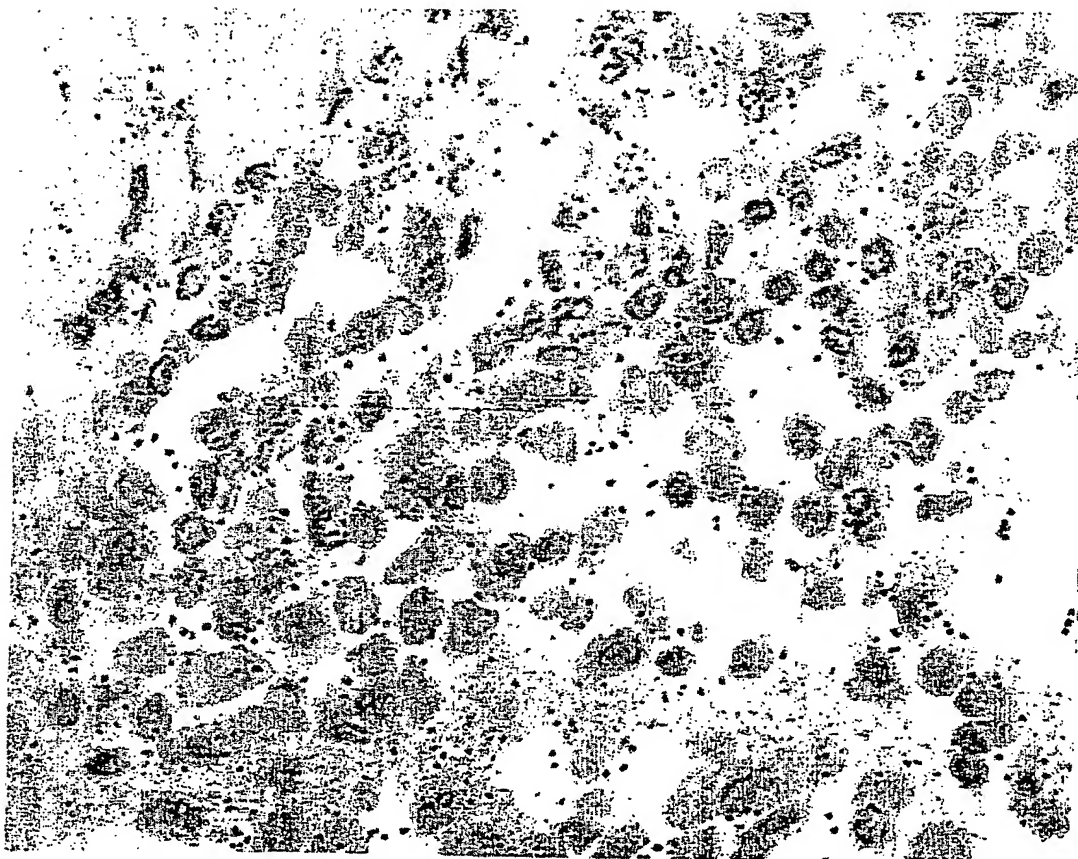


Figure 7

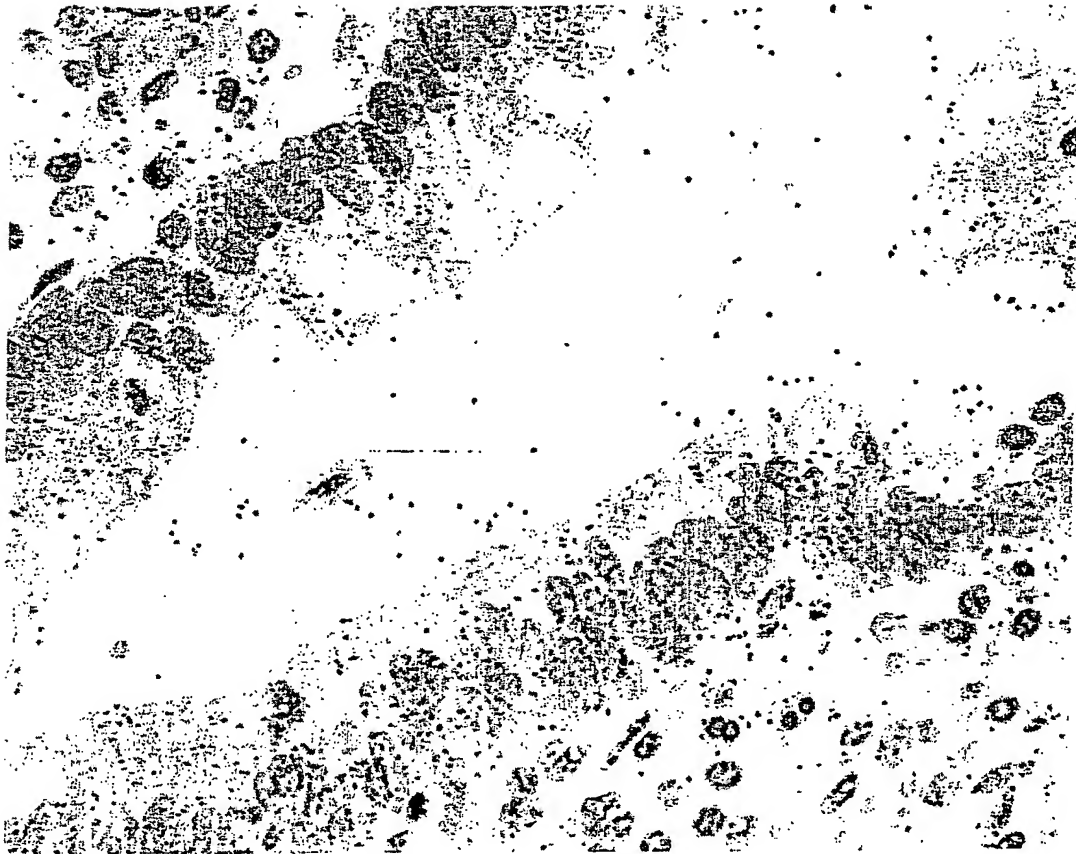


Figure 8

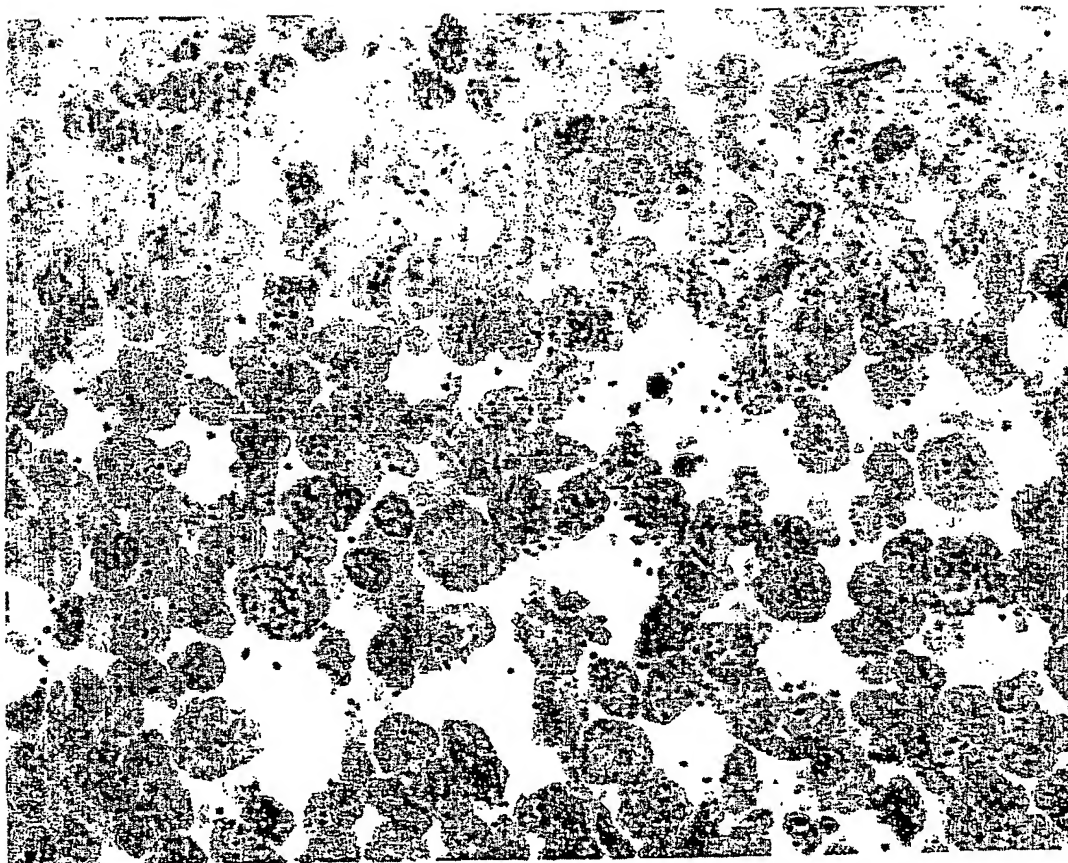


Figure 9

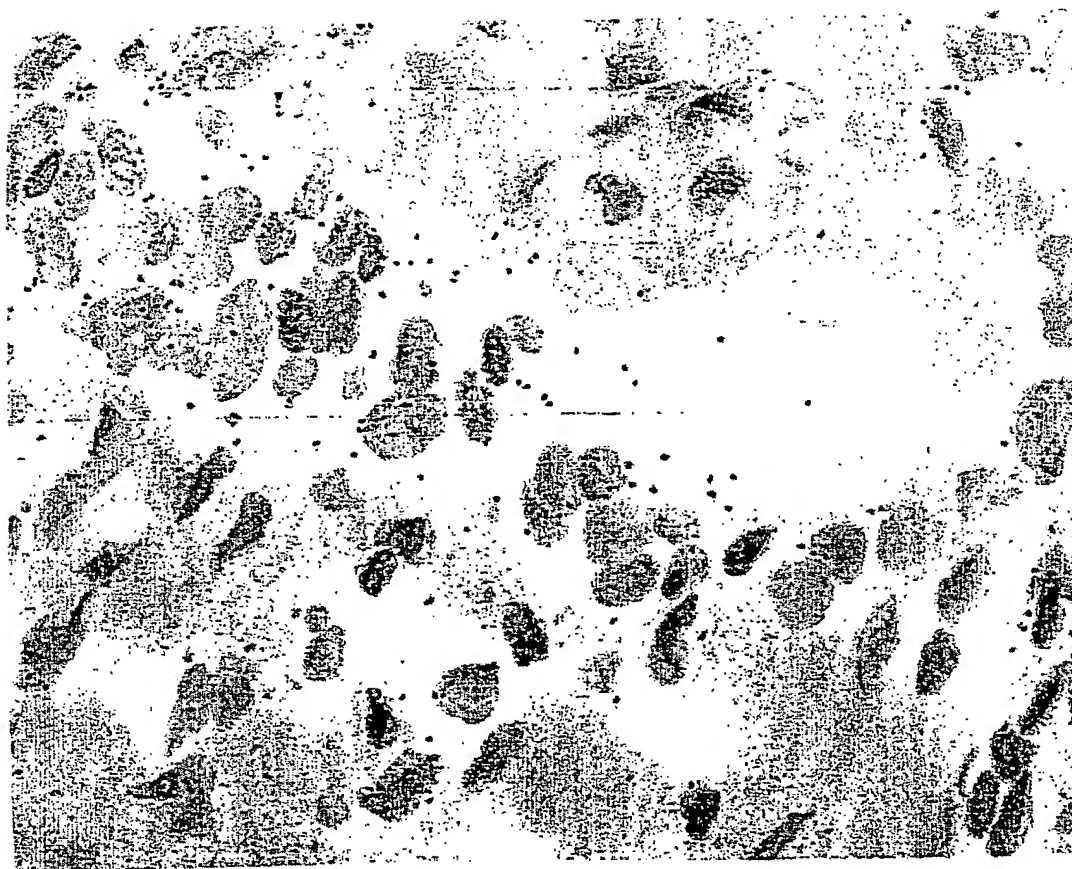


Figure 10

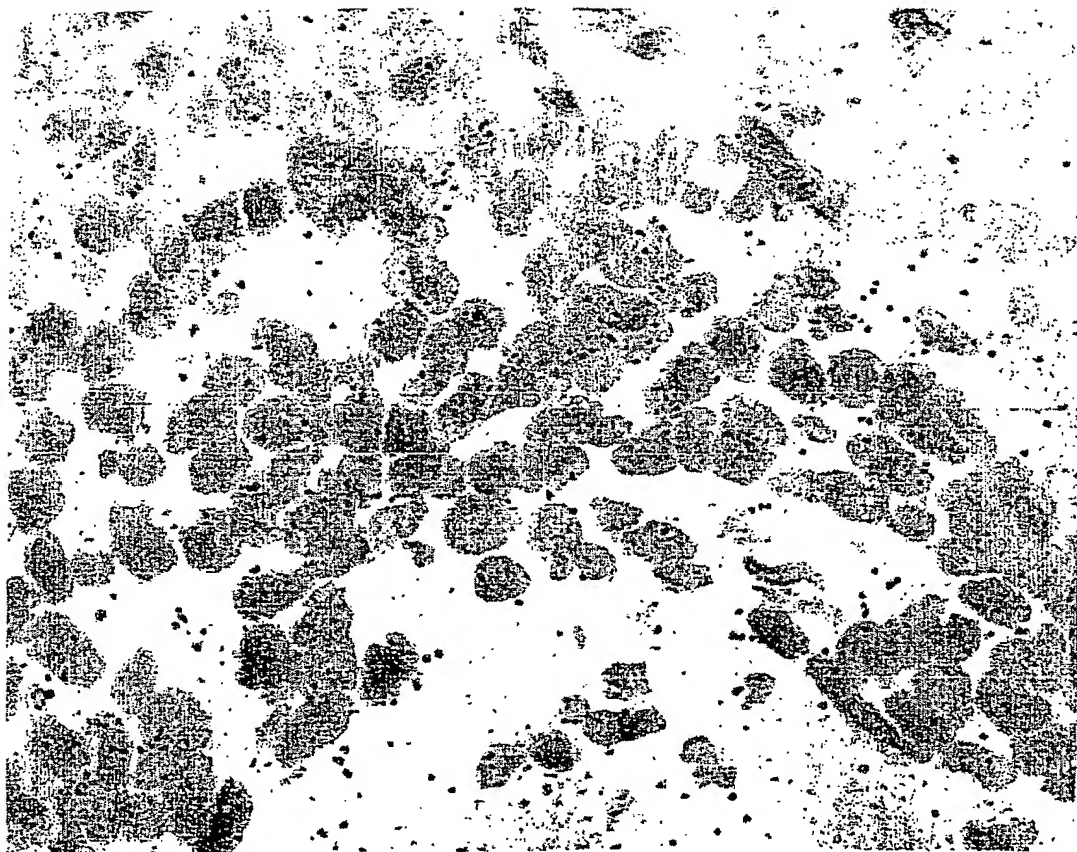


Figure 11

LISTE DE SEQUENCES

<110> AVENTIS PHARMA SA , INSERM .

<120> ACIDE NUCLEIQUE REGULATEUR DU GENE ABCA7, MOLECULES
MODULANT SON ACTIVITE ET APPLICATIONS THERAPEUTIQUES

<130> promoteur ABCA7

<140>

<141>

<160> 12

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2322

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 1

```

aaaacctctg tttgtacgaa gagaaggtgg ccaagagagt tggcgtcgat gagggcggtgc 60
tttgctttga tgcttttgtg gggagagagg aggtcttggg ggatgggggg atcaagggga 120
aaatgtccac ctcaccattg ggaggaggag caaagactga agccacaggt gagtctgggt 180
ggaatgaatg atttgaaggg ccgggacttg gggtagaggg agaggctggg ctctctggcc 240
atttggagaa gaggcagttc cctcaaagtc ccccatgctg ctttggctgc actctacctt 300
acagcgcaag tctcgtggcc tcagcctgga tgtctccccg ttggcgaaact cctatttate 360
ctcaaagccc caacggcaat gccacctcct gccggggag ccgtccccac gcctctcact 420
ctccccagcg ccttcaaagc tgtggaccca cagctccca ttccagcttc acctccagcc 480
tgaagagttt atttcaactc ttcttccaga gtgggaaacg ggttttcctc aaaatcaggg 540
tagccactat aatcgagac tctagaatgt tggccccctc cccctcctgc catcctctgc 600
agaagccgag gacggttcgt ggaatgaatg aatgaacgaa tgatctagtg gaaccctac 660
tttacagacg gacgagtgtg gtcccagagt ctggactaaa ctagaggagg cctggccagc 720
cccggggaca gcggggacag agggaaactc tgcaattcgg agctgcggta ttgcagccgg 780
ttatacaacg tggggaggca gcctggctcc ccaaagacag cgcagcctcg ttcccggagg 840
gcggcctgcc tgggacctgc cgggcactcc gccacctac ggtgatgcag caagagccgc 900
gcgggtccctt taagaaaccc ggctaggcga ggcccttctg tgatcccgtc tcctcccttg 960
gcccgccgag ctccgacgga gcaggccagt gagtgcggg caggctcgcc aatagcagcg 1020
tgacagaggca ggggcgtgcc ccggcgctgc tacctgcgcg ggcaagctca gcgcacttgg 1080
cttaaggggc ggcgcgctcc ctgcctgctg ctgggcggag ggaaggcggc aagagctgcg 1140
gagcccctgg aaggtgagaa ggactcggag agggagaag gcccagact cgagaatgcg 1200
gggttggggc cgggagggat gcaagttccc tgggaattag ggggtccagc ctctgacctc 1260
cttccggtga atgttgacga cggctgaatt gatcactgat tctcaagggg ggcacgagc 1320
atctgggacc cttaagaggg cctttgccga tcacacacct gcagccccct gccggttaga 1380
actcctgcac tcccccttgc ccgctcttac aaatggagaa actgagccca ctccccaga 1440
tcctaagtcc cgcttgatgt aaaggaaaga accctggcgt aagggtctgg gtctgaggtc 1500

```

```

ccagttccgg cctggtcacc tttagcaact tcttgccct ctgtcagcgt cagattctcc 1560
atctgtgtca gaggtggacc ggcccaagga aaatagatca ggaatcgtg actccaggag 1620
tctctatccc agcccttcg cctgactctt tctctggctc ccgcggtccc tctgagcgt 1680
taatgtaca taagggtgtg gcagagctgg ggtcgtgcct ccagctgggc aactgcctgt 1740
ctctctgggt gcctgggttt gctttcttgg gcctcggttt ccacttctgt agagtgggt 1800
gatagtccag cacttcccct gggcgtgtga aatgtccagc actgccaata ttcgttgctg 1860
ttatcttcgg agaacagtga ggggaaagga atccttgctt gggctgggccc aggcaggagg 1920
ctgggggtca ggacctggaa gaggcctcca ggtgaggctt ggggtggagc ctggtgacga 1980
aagcgttaag cccaaactcg gtccctggag gattagagga tgatcttta gtcccagct 2040
gtcagccctg ctcagagcga cagtcctggc agccaatcag atgcgaggac ggctgcgggt 2100
tgcgctcca ttggtttact ccaccttg ggtagcggag cctctttatc gagtgcactac 2160
tgtttgctc gctctaata gagcttcag gaacctgcg ctgtgggata aaggaatgag 2220
gttcagaaag gggcagggag ttgccgcag ccgcaccga cgtcttcagc ccgaccgtt 2280
tctgacctc tctgtcccg cccctgccc gtctcaccat gg 2322

```

<210> 2

<211> 1111

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 2

```

aaaacctctg tttgtacgaa gagaaggtgg ccaagagagt tggcgtcgat gagggcgtgc 60
tttgctttga tgcttttgtg gggagagagg aggtcttggg ggatgggggg atcaagggga 120
aaatgtccac ctcaccattg ggaggaggag caaaagctga agccacagggt gagtctgggt 180
ggaatgaatg atttgaaggg ccgggacttg ggttagaggg agaggctggg cttectggcc 240
atttgagaaa gaggcagttc cctcaaagc ccccatgcg ctttggctgc actctacctt 300
acagcgcaag tctcgtggcc tcagcctgga tgtctcccg ttggcgaact cctatctatc 360
ctcaaagccc caacggcaat gccacctct gccggggag ccgtccccc gcctctcact 420
ctcccagcg ccttcaaagc tgtggaccca cagctccca tttagcttc acctccagcc 480
tgaagagttt atttcaactc ttctccaga gtgggaaacg ggttttcctc aaaatcaggg 540
tagccactat aatcgagac tctagaatgt tggccccctc cccctcctgc catcctctgc 600
agaagccgag gagcgttcgt ggaatgaatg aatgaacgaa tgatctagtg gaaccctac 660
tttacagacg gacgagtgtg gtcccagagt ctggactaaa ctagaggag cctggccagc 720
cccggggaca gcggggacag agggaaactc tgcaattcgg agctgcggtg ttgcagccg 780
ttatacaacg tggggaggca gcctggctcc ccaaagacag cgcagcctcg tcccggagg 840
gcggcctgcc tgggacctgc cgggcactcc gccacctac ggtgatgcag caagagccgc 900
gcggtccctt taagaaacct ggctaggcga ggccctctc tgatcccgtc tctcccttg 960
gcccgcgag ctcgacgga gcaggccagt gagtgcggg caggtcgccc aatagcagc 1020
tgcaagggca gggcggtgcc ccggcgctgc tacctgcgcg ggcaagctca gcgcacttg 1080
cttaaggggc ggcgcgctcc ctgcctgctg c . 1111

```

<210> 3

<211> 1211

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 3

```

tgggcgagg gaaggcgga agagctgcgg agccccctgga aggtgagaag gactcggaga 60
gggaagaagg cccgagactc gagaatgcgg gggtggggcc gggagggatg caagtccct 120
gggaattagg gggtcagcc tctgacctcc ttccggtgaa tgttgacgac ggctgaattg 180
atcactgatt ctcaaggggg gcacgggaca tctgggaccc ttaagagggc ctttgccgat 240
cacacacctg cagccccctg cccgttagaa ctctgcact cccccttgcc ccgtcttaca 300
aatggagaaa ctgagccac tccccagat cctaagtcct gcttgatgta aaggaaagaa 360
ccctggcgta agggctctggg tctgaggtcc cagttccggc ctggtcacct ttagcaactt 420
cctgccccctc tgtcagcgtc agattctcca tctgtgtcag aggtggaccg gcccaggaa 480
aatagatcag gaatcgctga ctccaggagt ctctatcca gccccttcgc ctgactcttt 540
ctctggctcc cgcggtccct ctgagcgatt aatgctacat aaggtgtggg cagagctggg 600
gtcgtgcctc cagctgggca actgcctgtc tctctgggtg cctgggtttg ctttcttggg 660
cctcggtttc cacttctgta gagtgggtg atagtccagc acttccccctg ggcgtgtgaa 720
atgtccagca ctgccaatat tcgttctgt tatcttcgga gaacagtga gggaaaggaa 780
tccttgccctg ggctgggcca ggcaggaggc tgggggtcag gacctggaag aggcctccag 840
gtgaggcttg ggggtggagcc tgggtgacgaa agcgttaagc ccaaactcgg tccctggagg 900
attagaggat gatctttaag tccccagctg tcagccctgc tcagagcgac agtcctggca 960
gccaatcaga tgcgaggacg gctgcgggtt gcgctcccat tggtttactc caccctggg 1020
gtagcggagc ctctttatcg agtgactact gtttgctcgt ctctaatacag agcttccagg 1080
aaccctgcgc tgtgggataa aggaatgagg ttcaaaaagg ggcagggagt tgcccgagc 1140
cgcaccgcac gtcttcagcc cgaccgttgt cctgacctct ctgtcccgtc ccctgcccag 1200
tctcaccatg g 1211

```

<210> 4

<211> 2291

<212> ADN

<213> Mus musculus

<400> 4

```

aaaaaiaaaa aaaaaacaaa aacaaaacaa aaacaaaaac aataaaaacc tctgtttcta 60
agagtaaagt acattcctga gtttgccgt gatggagggg gcgctgtcta gaagcaagg 120
gcaagccctg caaaaagt agggagaagg cgagaaacag acacagttga atgaatgatg 180
tgagatagat cggggctagg gtggagaaa aggctgagtc tccctacca gcttccctcg 240
aactcctatg catctgcaa accccaactt ctaaggcccc ctaactcacg cttgccaggg 300
tgatctacac ccatctccct ctatgctttg tgaaataaac cagttttttt tttccagagt 360
aggagacatc tgagaatctt gcctacaatc caggcaacta ttgattctaa tcttaggata 420
ttgggctgcc acctgattct gaaattgtct agaccagagg atgttgctaa aatgaatgtg 480
caggctcctg aagctctact ttggagatga gctcacagag gctgtggtac aatcttggt 540
gggtggcagga gatggcacag gatacaaaga ccttggtcaa accttccgac ctaaaccttg 600
tctttgcctg aggtcccaca tcatggtagg caagaataga ctccaggaaa tggctcctcg 660
acctccacag atatgccatg catgcatgtg tctacccta ataagcaaat taattaaatt 720
taaaaaacaaa ggttacttgt ggtggcacac gcctttaatc ccagcactca ggaggcagag 780
gcaggcggtat ctctgtgaga ccagcctggt ctaagcagtg atttccaggc ctaccacagc 840
agtgtgagcc actctcaaaa ttaaaaagta tttttaaaaa ggagtccttg gggagaggag 900
acaggaatgt cttgctgtgg ggagctgcc tttcaagatg tgaactcaca ggtgaccctg 960

```

```

tgtccccctc tttgtcgtgt cccagtgaag ccaaactgat gcagcaggaa tcctgttgtc 1020
cctttaagaa acccggctcg gagaggcggg ctgtgggtccc gcctcctcca atggcaaagt 1080
cgctgagta gcaggtgcaa tatccaatag tagcgttagg gggcggggct ggggtgtcct 1140
tagggcaccg ggttgcaag ggcgtcgtcc gcaattgagc ggggctccac ttaaaggggc 1200
cgcgctcccc cgccgaggcc gagaggagcg aaagtggatg gagtttgggg gcctcagaac 1260
ggtgagaaaa tccccgagag ggtggaaggt ggagcctgga gatctgggga tgctgtgggg 1320
tgaggggtggg ctgagccacg ttcctgata atttggggtt ccaggtgcct actctccctt 1380
gcccttcctt atccttcctg ggagtgtggg aaaaatggac caccgatcct cacagcggtc 1440
atctggtcac ctcgagggac ctctgccaac ctacacctcc agtgtccac tttccaaatg 1500
aggcctgtca cccccaccc cccagatctc aaatttcaact ttatgaaaga aaaaagtccc 1560
cgagtgaag ccgccaattt ccatgtagat ggttaaactt tggcaatttc cctctctgtc 1620
agcctcagtt tccctatcgg tatcatgaag caggccacag gcatacagtt ccggggggaa 1680
ataaaataac gaaatcagga atggcgtgct caaggagcct gtccctgact cctcctagcc 1740
ggcgggtctt tgtaccctcc ttttgactcc ggaggcggg cctccttct tctctgggtt 1800
ccttgggagc gtgactttgc cctttttga gcctcagttc ccatctctta aaaaatagaa 1860
ggccagctgc aaatgacaca gactccgggt ctaccgggg gccacctggg gcgaacggaa 1920
ccgagacccc ggtctggtat gaggtgacc gtggagccc gagcccaag cccaagctt 1980
taaaccgaag ctccgcccc taagaatgca aacagggtct tccagacccc agccttcac 2040
gatagccctt ccagccaatc agctacgagg acggctgcgc gccgggttcc cattggtcac 2100
ttcctagtg aatttcttct tatggtgcct tgtttgcgg gctctttgcg ggagatttat 2160
tgaggctcag cccgatgttc ggaaggatga ggatcagaga ccgcagaca tttgtctgga 2220
gccacacagc tcaactctcag ccttttcttt gtcctgtcct ctccgctgtt tccggctcag 2280
agtcacatg g 2291

```

<210> 5

<211> 1220

<212> ADN

<213> Mus musculus

<400> 5

```

aaaacaaaaa aaaaaacaaa aacaaaacaa aaacaaaac aataaaaacc tctgtttcta 60
agagtaaagt acattcctga gtttgccgt gatggagggg gcgctgtcta gaagcaaggt 120
gcaagccctg cacaaaagtt agggagaagg cgagaaacag acacagttga atgaatgatg 180
tgagatagat cggggctagg gtggagaaag aggctgagtc tccctacca gcttccttcg 240
aactcctatg catctgcaa accccaactt ctaaggcccc ctaactcacg cttgccaggg 300
tgatctacac ccatctccct ctatgctttg tgaaataaac cagttttttt tttccagagt 360
aggagacatc tgagaatctt gcctacaatc caggcaacta ttgattctaa tcttaggata 420
ttgggtgcc acctgattct gaaattgtct agaccagagg atgttgctaa aatgaatgtg 480
caggtccttg aagctctact ttggagatga gctcacagag gctgtggtac aattctggct 540
ggtggcagga gatggcacag gatacaaaga ccttgtgcaa accttccgac ctaaacttgg 600
tctttgcctg aggtccacac tcatggtagg caagaataga ctccaggaaa tggctcctctg 660
acctccacag atatgccatg catgcatgtg tctacccta ataagcaaat taattaaatt 720
taaaaacaaa gggtacttgt ggtggcacac gcctttaatc ccagcactca ggaggcagag 780
gcaggcggat ctctgtgaga ccagcctggg ctaagcagtg atttccaggc ctaccacagc 840
agtgtgagcc actctcaaaa ttaaaaagta tttttaaaaa ggagtccttg gggagaggag 900
acaggaatgt cttgctgtgg ggagctgcca tttcaagatg tgaactcaca ggtgacctgt 960

```

```

tgtccccctc tttgtcgtgt cccagtgaag ccaaactgat gcagcaggaa tcctgttgtc 1020
cctttaagaa acceggctcg gagaggcggg ctgtgggtccc gcctcctcca atggcaaagt 1080
cgcctgagta gcaggtgcaa tatccaatag tagcgtagg gggcggggct ggggtgctcct 1140
tagggcaccg ggttgcgaag ggcgtcgtcc gcaattgagc ggggctccac ttaaaggggc 1200
cgcgctcccc cgccgaggcc                                     1220

```

<210> 6

<211> 1273

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 6

```

tgggcggagg gaaggcggca agagctgcgg agcccctgga aggtgagaag gactcggaga 60
gggaagaagg cccgagactc gagaatgcgg ggttggggcc gggagggatg caagttccct 120
gggaattagg ggggtccagcc tctgacctcc ttccgggtgaa tggtgacgac ggctgaattg 180
atcactgatt ctcaaggggg gcacgggaca tctgggaccc ttaagagggc ctttgccgat 240
cacacacctg cagccccctg cccgttagaa ctctgcact ccccttgcc ccgtcttaca 300
aatggagaaa ctgagccac tccccagat cctaagtcct gcttgatgta aaggaaagaa 360
ccctggcgta agggctctggg tctgaggtcc cagttccggc ctggtcacct ttagcaactt 420
cctgccccctc tgtcagcgtc agattctcca tctgtgtcag aggtggaccg gcccaaggaa 480
aatagatcag gaatcgtga ctccaggagt ctctatcca gcccttcgc ctgactcttt 540
ctctggctcc cgcggtccct ctgagcgatt aatgctacat aagggtgtggg cagagctggg 600
gtcgtgctc cagctgggca actgcctgtc tctctgggtg cctgggtttg ctttcttggg 660
cctcggttcc cacttctgta gagtggggtg atagtcagc acttcccctg ggcgtgtgaa 720
atgtccagca ctgccaatat tcgttgctgt tatcttcgga gaacagtga gggaaaggaa 780
tccttgccctg ggctgggcca ggcaggaggc tgggggtcag gacctggaag aggcctccag 840
gtgaggcttg ggggtggagcc tggtagcga agcgtaagc ccaaactcgg tccctggagg 900
attagaggat gatctttaag tccccagctg tcagccctgc tcagagcgac agtcctggca 960
gccaatcaga tgcgaggacg gctgcggtt gcgctcccat tggtttactc caccctggg 1020
gtagcggagc ctctttatcg agtgactact gtttgctcgt ctctaatacag agcttccagg 1080
aaccctgcgc tgtgggataa aggaatgagg ttcagaaagg ggcaggaggt tgcccgagc 1140
cgcaccgcac gtcttcagcc cgaccgttgt cctgacctct ctgtcccgtc cctgcccag 1200
tctcaccatg gccttctgga cacagctgat gctgctgctc tggaagaatt tcatgtatcg 1260
ccggagacag ccg                                     1273

```

<210> 7

<211> 22

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

```

Met Ala Phe Trp Thr Gln Leu Met Leu Leu Leu Trp Lys Asn Phe Met
1           5           10           15

```

Tyr Arg Arg Arg Gln Pro

<210> 8
<211> 7795
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 8
tgggcgagg gaaggcgga agagctgcgg agcccctgga aggtgagaag gactcggaga 60
gggaagaagg cccgagactc gagaatgcgg gggtggggcc gggagggatg caagttccct 120
gggaattagg ggggtccagcc tctgacctcc ttccggtgaa tgttgacgac ggctgaattg 180
atcactgatt ctcaaggggg gcacgggaca tctgggaccc ttaagagggc ctttgccgat 240
cacacacctg cagccccctg cccgttagaa ctctgcact ccccttgcc ccgtcttaca 300
aatggagaàa ctgagccac tccccagat cctaagtccc gcttgatgta aaggaaagaa 360
ccctggcgta agggctctggg tctgaggtcc cagttccggc ctgggtcacct ttagcaactt 420
cctgcccctc tgtcagcgtc agattctcca tctgtgtcag aggtggaccg gcccaaggaa 480
aatagatcag gaatcgctga ctccaggagt ctctatccca gcccttcgc ctgactctt 540
ctctggctcc cgggtccct ctgagcgatt aatgctacat aagggtgtggg cagagctggg 600
gtcgtgcctc cagctgggca actgcctgtc tctctgggtg cctgggtttg ctttcttggg 660
cctcggtttc cacttctgta gagtgggggtg atagtccagc acttcccctg ggcgtgtgaa 720
atgtccagca ctgccaatat tcgttgctgt tatcttcgga gaacagtga gggaaaggaa 780
tccttgccctg ggctgggcca ggcaggaggc tgggggtcag gacctggaag aggcctccag 840
gtgaggcttg ggggtggagcc tgggtgacgaa agcgttaagc ccaaactcgg tccctggagg 900
attagaggat gatctttaag tccccagctg tcagccctgc tcagagcgac agtcctggca 960
gccaatcaga tgcgaggacg gctgccccgtt gcgctcccat tggtttactc caccctggg 1020
gtagcggagc ctctttatcg agtgactact gtttgctcg ctctaatcag agcttccagg 1080
aaccctgcgc tgtgggataa aggaatgagg ttcagaaagg ggcagggagt tgcccgcagc 1140
cgcaccgcac gtcttcagcc cgaccgttgt cctgacctct ctgtccgctc cctgcccag 1200
tctcaccatg gccttctgga cacagctgat gctgctgctc tggaagaatt tcatgtatcg 1260
ccggagacag ccggtccagc tcctggctga attgctgtgg cctctcttcc tcttcttcat 1320
cctggtggct gtctgccact cccaccgcc cctggagcac catgaatgcc acttcccaa 1380
caagccactg ccatcggcgg gcaccgtgcc ctggctccag ggtctcatct gtaatgtgaa 1440
caacacctgc tttccgcagc tgacaccggg cgaggagccc gggcgctga gcaacttcaa 1500
cgactccctg gtctcccggc tgcctagcca tgcccgcact gtgctgggag gggccagtgc 1560
ccacaggacg ctggctggcc tagggaagct gatcgccacg ctgagggctg cagcagcac 1620
ggcccagcct caaccaacca agcagtctcc actggaacca cccatgctgg atgtcgcgga 1680
gctgctgacg tcaactgctgc gcacggaatc cctgggggtg gcaactggcc aagcccagga 1740
gcccttgcac agcttggttg aggcgctgg ggacctggcc caggagctcc tggcgctgcg 1800
cagcctgggtg gagcttcggg cactgctgca gagacccga gggaccagcg gccctcct 1860
gttgctgtca gaggccctct gcagtgtcag gggacctagc agcacagtgg gccctcct 1920
caactggtac gaggctagtgc acctgatgga gctgggtggg caggagccag aatccgccct 1980
gccagacagc agcctgagcc ccgctgctc ggagctgatt ggagccctgg acagccaccc 2040
gctgtcccgc ctgctctgga gacgcctgaa gcctctgatc ctcggaago tactctttgc 2100
accagataca ctttttaccg ggaagctcat ggcccagggtg aaccggacct tcgaggagct 2160
caccctgctg agggatgtcc gggaggtgtg ggagatgctg ggaccccgga tcttcacctt 2220

catgaacgac agttccaatg tggccatgct gcagcggctc ctgcagatgc aggatgaagg 2280
aagaaggcag cccagacctg gaggccggga ccacatggag gccctgcgat cctttctgga 2340
ccctgggagc ggtggctaca gctggcagga cgcacacgct gatgtggggc acctgggtggg 2400
cacgctgggc cgagtgcagg agtgccctgtc cttggacaag ctggaggcgg caccctcaga 2460
ggcagccctg gtgtcgcggg ccctgcaact gctcgcgga catcgattct gggccggcgt 2520
cgtcttcttg ggacctgagg actcttcaga cccacagag caccacaacc cagacctggg 2580
ccccggccac gtgcgcacatc aaatccgcat ggacattgac gtggtcacga ggaccaataa 2640
gatcagggac aggttttggg accctggccc agcccgggac cccctgaccg acctgcgcta 2700
cgtgtggggc ggcttcgtgt acctgcaaga cctgggtggag cgtgcagccg tccgcgtgct 2760
cagcggcgcc aacccccggg ccggcctcta cctgcagcag atgccctatc cgtgctatgt 2820
ggacgacgtg ttctctgctg tgctgagccg gtcgctgccg ctcttctga cgtggcctg 2880
gatctactcc gtgacactga cagtgaaggc cgtgggtgcgg gagaaggaga cgcggtcgcg 2940
ggacaccatg cgcccatgg ggctcagccg cgcggtgctc tggctaggct ggttcctcag 3000
ctgcctcggg cccttctctg tcagcgccgc actgctgggt ctgggtgctc agctgggaga 3060
cactctccc tacagccacc cgggcgtggg ttctctgttc ttggcagcct tcgcggtggc 3120
cacggtgacc cagagcttcc tgctcagcgc cttcttctcc cgcgccaacc tggctgcggc 3180
ctcgcgcgcc ctggcctact tctccctcta cctgccctac gtgctgtgtg tggcttggcg 3240
ggaccggctg ccgcggggtg gccgcgtggc cgcgagcctg ctgtcgcccg tggccttcgg 3300
cttcggctgc gagagcctgg ctctgctgga ggagcagggc gagggcgcg agtggcaca 3360
cgtgggcacc cggcctacgg cagacgtctt cagcctggcc caggctctctg gccttctgct 3420
gctggacgcg gcgctctacg gcctcgccac ctggtacctg gaagctgtgt gccaggcca 3480
gtacgggatc cctgaaccat ggaattttcc ttttcggagg agctactggt gcggacctcg 3540
gcccccaag agtccagccc cttgccccac ccgcgtggac ccaaagggtg tggtagaaga 3600
ggcaccgccc ggctgagtc ctggcgtctc cgttcgcagc ctggagaagc gcttctctgg 3660
aagcccgag ccagccctgc gggggctcag cctggacttc taccagggcc acatcaccgc 3720
cttctgggc cacaacgggg ccggcaagac caccaccctg tccatcttga gtggcctctt 3780
cccaccagc ggtggctctg ccttcacctc gggccacgac gtccgctcca gcctggccgc 3840
catccggccc cactgggcg tctgtctca gtacaacgtg ctgtttgaca tgctgaecgt 3900
ggacgagcac gtctggttct atgggcggct gaagggctct agtgccgctg tagtggggcc 3960
cgagcaggac cgtctgctgc aggatgtggg gctgggtctc aagcagagtg tgcagactcg 4020
ccacctctc ggtgggatgc aacggaagct gtccgtggcc attgcctttg tgggcggctc 4080
ccaagttgtt atcctggacg agcctacggc tggcgtggat cctgcttccc gccgcggtat 4140
ttgggagctg ctgctcaaat accgagaagg tcgcacgctg atcctctcca cccaccacct 4200
ggatgaggca gagctgctgg gagaccgtgt ggccgtgggt gcaggtggcc gcttgtgctg 4260
ctgtggctcc cactcttcc tgcgcgtca cctgggctcc ggctactacc tgacgtgggt 4320
gaaggcccg ctgcccctga ccaccaatga gaaggctgac actgacatgg agggcagtg 4380
ggacaccagg caggaaaaga agaattggcag ccagggcagc agagtcggca ctctcagct 4440
gctggccctg gtacagcact ggtgcccgg ggcacggctg gtggaggagc tgccacacga 4500
gctggtgctg gtgctgccct acacgggtgc ccatgacggc agcttcgcca cactcttccg 4560
agagctagac acgcggctgg cggagctgag gctcactggc tacgggatct ccgacaccag 4620
cctcgaggag atcttctctga aggtgggtgga ggagtgtgct gcggacacag atatggagga 4680
tggcagctgc gggcagcacc tatgcacagg cattgctggc ctagacgtaa ccctacggct 4740
caagatgccg ccacaggaga cagcgtgga gaacggggaa ccagctgggt cagccccaga 4800
gactgaccag ggctctgggc cagacgccgt gggccgggta cagggtggg cactgaccgc 4860
ccagcagctc caggccctgc ttctcaagcg ctttctgctt gcccgccga gccgcgcgg 4920
cctgttcgcc cagatcgtgc tgccctgccct ctttctgggc ctggccctcg tggtcagcct 4980
catcgtgcct cctttcgggc actaccgggc tctgcggctc agtcccacca tgtacgggtg 5040

tcaggtgtcc ttcttcagtg aggacgcccc aggggaccct ggacgtgccc ggetgctcga 5100
 ggcgctgctg caggaggcag gactggagga gccccagtg cagcatagct cccacaggtt 5160
 ctcggcacca gaagtccctg ctgaagtggc caaggtcttg gccagtggca actggacccc 5220
 agagtctcca tccccagcct gccagtgtag cgggcccgtt gcccgccgct tgctgcccga 5280
 ctgcccggct gcagctgggt gtccccctcc gcccaggca gtgaccggct ctggggaagt 5340
 ggttcagaac ctgacaggcc ggaacctgtc tgacttcctg gtcaagacct acccgccct 5400
 ggtgcgccag ggctgaaga ctaagaagtg ggtgaatgag gtcagatacg gaggtctctc 5460
 gctggggggc cgagaccag gcctgccctc gggccaagag ttgggcccgt cagtggagga 5520
 gttgtgggct ctgctgagtc cctgctgtgg cggggccctc gaccgtgtcc tgaaaaacct 5580
 cacagcctgg gctcacagcc tggatgtctc ggacagtctc aagatctggt tcaacaacaa 5640
 aggctggcac tccatgggtg cctttgtcaa ccgagccagc aacgcaatcc tccgtgtctc 5700
 cctgccccca ggcccggccc gccacgccc cagcatcacc aactcaacc accccttgaa 5760
 cctcaccaag gagcagctgt ctgaggctgc actgatggc tctcgtgtgg acgtcctcgt 5820
 ctccatctgt gtggtctttg ccatgtcctt tgtcccggc agcttcactc ttgtcctcat 5880
 tgaggagcga gtcacccgag ccaagcacct gcagctcatg gggggcctgt ccccaccct 5940
 ctactggctt ggcaactttc tctgggacat gtgtaactac ttggtgccag catgcatcgt 6000
 ggtgtctcat tttctggcct tccagcagag ggcataatgt gcccctgcca acctgcctgc 6060
 tctcctgtct ttgtactac tgtatggctg gtcgatcaca ccgtcatgt acccagcctc 6120
 cttcttcttc tccgtgccc gacacgcta tgtggtgtc acctgcataa acctctttat 6180
 tggcatcaat ggaagcatgg ccacctttgt gcttgagctc ttctctgata agaagctgca 6240
 ggaggtgagc cggatcttga aacaggtctt ccttatcttc cccacttct gcttgggccc 6300
 ggggctcatt gacatggtgc ggaaccaggc catggctgat gcctttgagc gcttgggaga 6360
 caggcagttc cagtcacccc tgcgctggga ggtggtcggc aagaacctct tggccatggt 6420
 gatacagggg cccctcttc ttctcttcac actactgtct cagcacccga gccaaactct 6480
 gccacagccc aggggtgaggt ctctgccact cctgggagag gaggacgagg atgtagccc 6540
 tgaacgggag cgggtgttcc aaggagccac ccaggggat gtgttgggtgc tgaggaaact 6600
 gaccaaggtg taccgtgggc agaggatgcc agctgttgac cgcttgtgccc tggggattcc 6660
 ccctggtgag tgttttgggc tgctgggtgt gaatggagca gggaagacgt ccacgtttcg 6720
 catggtgacg ggggacacat tggccagcag gggcgaggct gtgctggcag gccacagcgt 6780
 ggcccgggaa cccagtgtct cgcacctcag catgggatac tgcctcaat ccgatgccat 6840
 ctttgagctg ctgacgggcc gcgagcacct ggagctgctt gcgcgcctgc gcggtgtccc 6900
 ggaggcccag gttgccaga ccgctggctc gggcctggcg cgtctgggac tctcatggta 6960
 cgcagaccgg cctgcaggca cctacagcgg agggaacaaa cgcaagctgg cgacggccct 7020
 ggcgctggtt ggggaccag ccgtggtgtt tctggacgag ccgaccacag gcatggaccc 7080
 cagcgcgcg cgttctctt ggaacagcct tttggccgtg gtgcgggagg gccgttcagt 7140
 gatgtcacc tcccatagca tggaggagtg tgaagcgtc tgctcgcgcc tagccatcat 7200
 ggtgaatggg cggttccgt gcctgggcag ccgcaacat ctcaagggca gattcgcggc 7260
 gggtcacaca ctgacctgc ggggtcccgc cgcaaggtcc cagccggcag cggccttcgt 7320
 ggcggccgag ttccctgggt cggagctgcg cagggcacat ggaggccgccc tgcgcttcca 7380
 gctgccgccg ggaggcgct gcgcctggc gcgcgtctt ggagagctgg cgtgacagg 7440
 cgcagagcac ggcgtggagg acttttccgt gagccagac atgctggagg aggtattctt 7500
 gtacttctcc aaggaccagg ggaaggacga ggacaccgaa gagcagaagg aggcaggagt 7560
 gggagtggac cccgcgccag gcctgcagca ccccaaacgc gtcagccagt tctcagatga 7620
 ccctagcact gccgagactg tgctctgagc ctccctcccc tgcggggcgc cggggaggcc 7680
 ctgggaatgg caagggaag gtagagtgc taggagccct ggactcaggc tggcagaggg 7740
 gctggtgccc tggagaaaat aaagagaagg ctggagagaa gccgtggtgg tgaaa 7795

<210> 9

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: AMORCE

<400> 9

agccagcaac gcaatcctcc

20

<210> 10

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: AMORCE

<400> 10

cgcacatgt caatgagccc

20

<210> 11

<211> 22

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<400> 11

gcggaagca ggtgtgtgtc ac

22

<210> 12

<211> 21

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<400> 12

cgatggcagt ggcttgtttg g

21